

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES  
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
19. September 2002 (19.09.2002)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
**WO 02/072848 A2**

(51) Internationale Patentklassifikation<sup>7</sup>: C12N 15/82, 15/54, 9/10

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP02/02492

(22) Internationales Anmeldedatum:  
7. März 2002 (07.03.2002)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:  
101 11 676.4 9. März 2001 (09.03.2001) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von  
US): SUNGENE GMBH & CO. KGAA [DE/DE]; 06468  
Gatersleben (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): BADUR, Ralf  
[DE/DE]; Teodor-Storm-Str. B, 67117 Limburgerhof  
(DE). GEIGER, Michael [DE/DE]; Neuer Weg 15, 06484  
Quedlinburg (DE).

(74) Anwalt: DOERPER, Thomas; c/o BASF Aktiengesellschaft, 67056 Ludwigshafen (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

**Veröffentlicht:**

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

WO 02/072848 A2

(54) Title: INCREASE IN THE VITAMIN E CONTENT IN ORGANISMS DUE TO AN INCREASE IN THE TYROSINE AMINOTRANSFERASE ACTIVITY

(54) Bezeichnung: ERHÖHUNG DES VITAMIN-E-GEHALTS IN ORGANISMEN DURCH ERHÖHUNG DER TYROSINAMINOTRANSFERASE-AKTIVITÄT

(57) Abstract: The invention relates to a method for producing vitamin E by cultivating organisms, especially plants, which have an increased tyrosine aminotransferase activity in relation to the wild type. The invention also relates to the genetically modified organisms, especially plants themselves.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Vitamin E durch Kultivierung von Organismen, insbesondere Pflanzen, die gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität aufweisen, sowie die genetisch veränderten Organismen, insbesondere Pflanzen selbst.

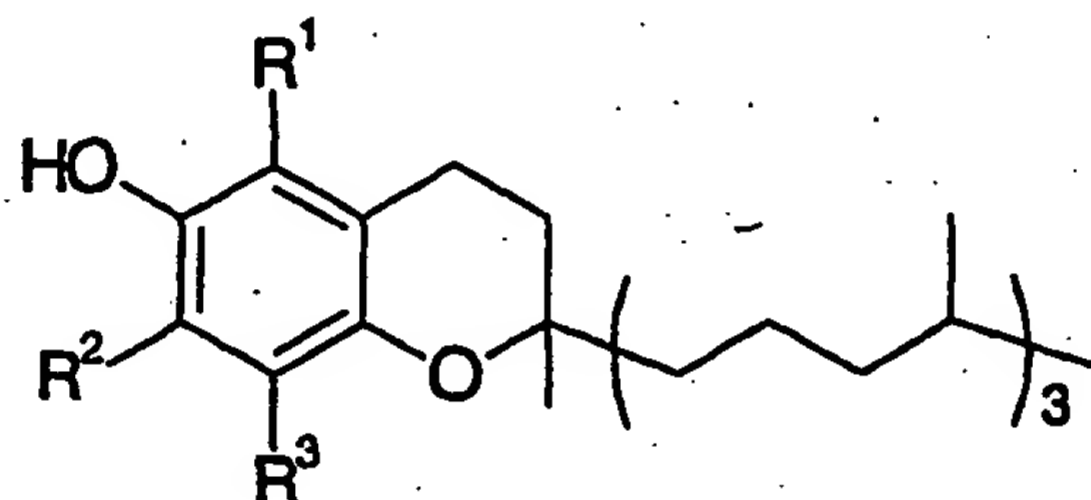
# Erhöhung des Vitamin-E-Gehalts in Organismen durch Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität

## 5 Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Vitamin E durch Kultivierung von Organismen, insbesondere Pflanzen die gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Tyrosinamino-  
 10 transferase-Aktivität aufweisen, sowie die genetisch veränderten Organismen, insbesondere Pflanzen selbst.

Die in der Natur vorkommenden acht Verbindungen mit Vitamin E-Aktivität sind Derivate des 6-Chromanols (Ullmann's Encyclopedia  
 15 of Industrial Chemistry, Vol. A 27 (1996), VCH Verlagsgesellschaft, Chapter 4., 478-488, Vitamin E). Die Gruppe der Tocopherole (1a-d) weist eine gesättigte Seitenkette auf, die Gruppe der Tocotrienole (2a-d) eine ungesättigte Seitenkette:

20

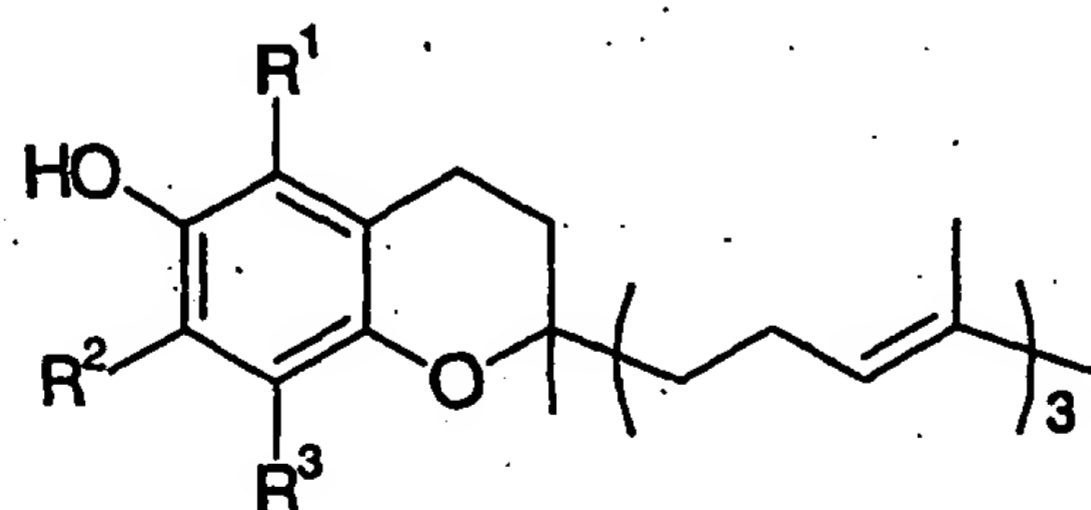


(1)

25

- 1a,  $\alpha$ -Tocopherol:  $R^1 = R^2 = R^3 = \text{CH}_3$   
 1b,  $\beta$ -Tocopherol:  $R^1 = R^3 = \text{CH}_3$ ,  $R^2 = \text{H}$   
 1c,  $\gamma$ -Tocopherol:  $R^1 = \text{H}$ ,  $R^2 = R^3 = \text{CH}_3$   
 30 1d,  $\delta$ -Tocopherol:  $R^1 = R^2 = \text{H}$ ,  $R^3 = \text{CH}_3$

35



(2)

- 2a,  $\alpha$ -Tocotrienol:  $R^1 = R^2 = R^3 = \text{CH}_3$   
 40 2b,  $\beta$ -Tocotrienol:  $R^1 = R^3 = \text{CH}_3$ ,  $R^2 = \text{H}$   
 2c,  $\gamma$ -Tocotrienol:  $R^1 = \text{H}$ ,  $R^2 = R^3 = \text{CH}_3$   
 2d,  $\delta$ -Tocotrienol:  $R^1 = R^2 = \text{H}$ ,  $R^3 = \text{CH}_3$

In der vorliegenden Erfindung werden unter Vitamin E alle vor-  
 45 stehend erwähnten Tocopherole und Tocotrienole mit Vitamin-E-Aktivität verstanden.

Diese Verbindungen mit Vitamin-E-Aktivität sind wichtige natürliche fett-lösliche Antioxidantien. Ein Mangel an Vitamin E führt bei Menschen und Tieren zu pathophysiologischen Situationen. Vitamin E-Verbindungen haben daher einen hohen wirtschaftlichen Wert als Zusatzstoffe im Food- und Feed-Bereich, in pharmazeutischen Formulierungen und in kosmetischen Anwendungen.

Ein wirtschaftliches Verfahren zur Herstellung von Vitamin E-Verbindungen sowie Nahrungs- und Futtermittel mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt sind daher von großer Bedeutung.

Besonders wirtschaftliche Verfahren sind biotechnologische Verfahren unter Ausnutzung natürlicher oder durch genetische Veränderung optimierter Vitamin-E-produzierender Organismen.

Abbildung 62 zeigt ein Biosyntheschema von  $\alpha$ -Tocopherol in höheren Pflanzen.

In höheren Pflanzen wird Tyrosin ausgehend von Chorismat über Prephenat und Arogenat gebildet. Die aromatische Aminosäure Tyrosin wird durch das Enzym Tyrosinaminotransferase in Hydroxyphenyl-Pyruvat umgewandelt, welches durch Dioxygenierung in Homogentisinsäure überführt wird.

Die Homogentisinsäure wird anschließend an Phytylpyrophosphat (PPP) bzw. Geranylgeranylpyrophosphat gebunden, um die Vorläufer von  $\alpha$ -Tocopherol und  $\alpha$ -Tocotrienol, das 2-Methyl-6-phytylhydrochinol bzw. das 2-Methyl-6-geranylgeranylhydrochinol zu bilden. Durch Methylierungsschritte mit S-Adenosylmethionin als Methylgruppen-Donor entsteht zunächst 2,3-Dimethyl-6-phytylquinol, dann durch Zyklisierung  $\gamma$ -Tocopherol und durch nochmalige Methylierung  $\alpha$ -Tocopherol.

Es sind Versuche bekannt, in transgenen Organismen durch Überexpression einzelner Biosynthesegene eine Erhöhung des Metabolitflusses zur Steigerung des Tocopherol- bzw. Tocotrienolgehaltes zu erreichen.

WO 97/27285 beschreibt eine Modifikation des Tocopherol-Gehaltes durch verstärkte Expression bzw. durch Herunterregulation des Enzyms p-Hydroxyphenylpyruvatioxygenase (HPPD).

WO 99/04622 bzw. D. DellaPenna et al., Science 1998, 282, 2098-2100 beschreiben Gensequenzen codierend für eine  $\gamma$ -Tocopherolmethyltransferase aus Synechocystis PCC6803 und Arabidopsis thaliana und deren Einbau in transgene Pflanzen, die einen modifizierten Vitamin E-Gehalt aufweisen.

WO 99/23231 zeigt, daß die Expression einer Geranylgeranyl-Reductase in transgenen Pflanzen eine gesteigerte Tocopherolbiosynthese zur Folge hat.

5 WO 00/08169 beschreibt Gensequenzen codierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat Oxidoreduktase und deren Einbau in transgene Pflanzen, die einen modifizierten Vitamin E-Gehalt aufweisen.

10 WO 00/68393 und WO 00/63391 beschreiben Gensequenzen codierend eine Phytyl/Prenyl-Transferase und deren Einbau in transgene Pflanzen, die einen modifizierten Vitamin E-Gehalt aufweisen.

In WO 00/61771 wird postuliert, daß die Kombination eines Gens  
15 aus dem Sterol-Stoffwechsel in Kombination mit einem Gen aus dem Tocopherolstoffwechsel zu einer Erhöhung des Tocopherolgehalts in transgenen Pflanzen führen kann.

In einer von A. Lopoukhina verfassten Doktorarbeit (*Characteri-*  
20 *zation of coronatine regulated genes from Arabidopsis thaliana*, Doktorarbeit an der Ruhr-Universität Bochum, Lehrstuhl für Pflanzenphysiologie, 1999) und in einem Posterbeitrag von H. Holländer-Czytko et al. auf der Botanikertagung 2000 in Jena vom 17-22.9.2000 werden durch das Phytotoxin Coronatin induzier-  
25 bare Gene aus *Arabidopsis thaliana* offenbart. Bei einem dieser Gene weist die abgeleitete Aminosäuresequenz eine Homologie von ca. 35 % mit bekannten Tyrosinaminotransferasen auf. Durch heterologe Expression des putativen Tyrosinaminotransferase-Gens in *E.coli* konnte eine geringe Enzymaktivität einer Tyrosinamino-  
30 transferase nachgewiesen werden. Es wird offenbart, daß die Behandlung von Pflanzen mit Coronatin und die Verwundung von Pflanzen zu einer Akkumulation der putativen Tyrosinaminotransferase-spezifischen mRNA, der putativen Tyrosinaminotransferase und der meßbaren Enzymaktivität führt. Ferner wird  
35 auf Seite 72 f. der Doktorarbeit offenbart, daß es bekannt sei, daß die Verwundung von Pflanzen zu einer Bildung von reaktiven Sauerstoffspezies führt, die durch antioxidative Verbindungen wie Tocopherol, Carotinoide oder Rosmarinsäure abgefangen werden.

40 Alle diese Methoden, bis auf den zuletzt erwähnten Stand der Technik, liefern zwar genetisch veränderte Organismen, insbesondere Pflanzen, die in der Regel einen modifizierten Gehalt an Vitamin E aufweisen, weisen jedoch den Nachteil auf, daß die Höhe des Gehalts an Vitamin E in den im Stand der Technik  
45 bekannten genetisch veränderten Organismen noch nicht zufriedenstellend ist.

Der Erfindung lag daher die Aufgabe zugrunde ein weiteres Verfahren zur Herstellung von Vitamin E durch Kultivierung von Organismen zur Verfügung zu stellen, bzw. weitere transgene Organismen, die Vitamin E herstellen, zur Verfügung zu stellen, 5 die optimierte Eigenschaften, wie beispielsweise einen höheren Gehalt an Vitamin E aufweisen und den geschilderten Nachteil des Standes der Technik nicht aufweisen.

Demgemäß wurde ein Verfahren zur Herstellung von Vitamin E gefunden, indem man Organismen kultiviert, die gegenüber dem Wild- 10 typ eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität aufweisen.

Unter Tyrosinaminotransferase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Tyrosinaminotransferase verstanden.

15

Unter einer Tyrosinaminotransferase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Tyrosin in 4-Hydroxyphenylpyruvat umzuwandeln.

20 Dementsprechend wird unter Tyrosinaminotransferase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Tyrosinaminotransferase umgesetzte Menge Tyrosin bzw. gebildete Menge 4-Hydroxyphenylpyruvat verstanden.

25 Bei einer erhöhten Tyrosinaminotransferase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Tyrosinaminotransferase die umgesetzte Menge Tyrosin bzw. die gebildete Menge 4-Hydroxyphenylpyruvat erhöht.

30

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter 35 mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Tyrosinaminotransferase-Aktivität des Wildtyps.

Unter einem Wildtyp wird der entsprechende nicht genetisch veränderte Ausgangsorganismus verstanden. Vorzugsweise und insbesondere 40 in Fällen in denen der Organismus oder der Wildtyp nicht eindeutig zuordenbar ist, wird unter Wildtyp für die Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität, die Erhöhung der nachstehend beschriebenen Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, die Erhöhung der nachstehend beschriebenen Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, die Erhöhung der nachstehend beschriebenen Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, die Erhöhung 45 der nachstehend beschriebenen 2-Me-

thyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, die Erhöhung der nachstehend beschriebenen Tocopherolcyclase-Aktivität, die Erhöhung der nachstehend beschriebenen  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität, die Reduzierung der nachstehend beschriebenen Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität, die Reduzierung der nachstehend beschriebenen Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität und die Reduzierung der nachstehend beschriebenen Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität, sowie für die Erhöhung des Gehalts an Vitamin E ein Referenzorganismus verstanden. Dieser Referenzorganismus ist vorzugsweise *Brassica napus* cv Westar.

Die Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Translations- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase gegenüber dem Wildtyp, beispielsweise durch Induzierung des Tyrosinaminotransferase-Gens durch Phytotoxine wie beispielsweise Coronatin oder durch Einbringen von Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase.

Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase wird erfindungsgemäß auch die Manipulation der Expression der Organismus, insbesondere Pflanzen eigenen endogenen Tyrosinaminotransferasen verstanden. Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Tyrosinaminotransferasen kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine veränderte oder vorzugsweise erhöhte Expressionsrate mindestens eines endogenen Tyrosinaminotransferase Gens zur Folge hat, kann durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

Es ist, wie vorstehend beschrieben, möglich, die Expression mindestens einer endogenen Tyrosinaminotransferase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

Des weiteren kann eine veränderte bzw. erhöhte Expression mindestens eines endogenen Tyrosinaminotransferase Gens dadurch erzielt werden, dass ein im nicht transformierten Organismus nicht vorkommendes Regulatorprotein mit dem Promotor dieser Gene in Wechselwirkung tritt.

Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

## 6

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch eine Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase.

5

In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase durch Einbringen von Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase in den Organismus.

10

Dazu kann prinzipiell jedes Tyrosinaminotransferase-Gen, also jede Nukleinsäuren die eine Tyrosinaminotransferase codiert verwendet werden. Bei genomischen Tyrosinaminotransferase-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechenden Tyrosinaminotransferase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

20

Alle in der Beschreibung erwähnten Nukleinsäuren können beispielsweise eine RNA-, DNA- oder cDNA-Sequenz sein.

Beispiele für Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinamino-

25 transferase bzw. Beispiele für Tyrosinaminotransferasen sind

die sechs putativen Tyrosinaminotransferasen TAT I bis TAT VI aus *Arabidopsis thaliana* TATI: CAA23026 (Nukleinsäure: SEQ. ID. NO. 5, Protein: SEQ. ID. NO. 6), TAT II: CAA23025, TAT III: AAD23027 (Nukleinsäure: SEQ. ID. NO. 7, Protein: SEQ. ID. NO. 8), TAT IV: CAA16881, TAT V: AAD21706 (Nukleinsäure: SEQ. ID. NO. 9, Protein: SEQ. ID. NO. 10), TAT VI: (Nukleinsäure: SEQ. ID. NO. 11, Protein: SEQ. ID. NO. 12)

35 die Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus* (Nukleinsäure: SEQ. ID. NO. 1, Protein: SEQ. ID. NO. 2),

eine Variante der Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus* (Nukleinsäure: SEQ. ID. NO. 3, Protein: SEQ. ID. NO. 4),

40

die humane Tyrosinaminotransferase (Accession No. XP\_008081),

45 die Tyrosinaminotransferase aus *Trypanosoma rangeli* (Accession No. AF165323\_1),

die Tyrosinaminotransferase aus *Tryposoma cruzi* (Accession No. AI 622965) oder

die Tyrosinaminotransferase aus *Rhizobium meliloti* (Accession 5 No. L05065).

Bevorzugt verwendet man Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion  
10 von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 %, vorzugsweise mindestens 33 %, bevorzugter mindestens 35 %, bevorzugter mindestens 50%, noch bevorzugter mindestens 70 %, am bevorzugtesten mindestens 90 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2, und die die enzymatische  
15 Eigenschaft einer Tyrosinaminotransferase aufweisen.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 2 stellt die Aminosäuresequenz der Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus* dar.

20 Unter dem Begriff "Substitution" ist in der Beschreibung der Austausch einer oder mehrerer Aminosäuren durch eine oder mehrere Aminosäuren zu verstehen. Bevorzugt werden sog. konservative Austausche durchgeführt, bei denen die ersetzte Aminosäure eine ähnliche Eigenschaft hat wie die ursprüngliche Aminosäure, bei-  
25 spielsweise Austausch von Glu durch Asp, Gln durch Asn, Val durch Ile, Leu durch Ile, Ser durch Thr.

Deletion ist das Ersetzen einer Aminosäure durch eine direkte Bindung. Bevorzugte Positionen für Deletionen sind die Termini  
30 des Polypeptides und die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Proteindomänen.

Insertionen sind Einfügungen von Aminosäuren in die Polypeptidkette, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere  
35 Aminosäuren ersetzt wird.

Unter Identität zwischen zwei Proteinen wird die Identität der Aminosäuren über die jeweils gesamte Proteinelänge verstanden, insbesondere die Identität die durch Vergleich mit Hilfe der  
40 Lasergene Software der Firma DNASTAR, inc. Madison, Wisconsin (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a micro-computer. Comput Appl. Biosci. 1989 Apr;5(2):151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

45

Multiple alignment parameter:

Gap penalty

10

8

|                               |    |
|-------------------------------|----|
| Gap length penalty            | 10 |
| Pairwise alignment parameter: |    |
| K-tuple                       | 1  |
| Gap penalty                   | 3  |
| 5 Window                      | 5  |
| Diagonals saved               | 5  |

Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2, insbesondere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 20 % aufweist.

15 Die bekannten Tyrosinaminotransferasen weisen mit der SEQ. ID. NO. 2 (Tyrosinaminotransferasen aus *Rattus norvegicus*) nach obigem Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz folgende Identität [%] der Aminosäuresequenzen auf:

|   |        |
|---|--------|
| 20 CAA23026 (TAT I)                     | 26,8 % |
| CAA23025 (TAT II)                       | 22,3 % |
| AAD23027 (TAT III)                      | 28,3 % |
| CAA16881 (TAT IV)                       | 29,8 % |
| AAD21706 (TAT V)                        | 30,0 % |
| 25 TAT VI K19.P17.14                    | 33,3 % |
| AF165323_1 ( <i>Tryposoma rangeli</i> ) | 33,3 % |
| XP_008081 (human)                       | 91,6 % |

In einer weiter bevorzugten Ausführungsform werden Nukleinsäuren 30 in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus* SEQ. ID. NO. 2 oder die Aminosäuresequenz der humanen Tyrosinaminotransferase (Accession No. XP\_008081).

35 Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend 40 der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in einer Pflanze exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

- 5 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 1 in den Organismus ein.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 1 stellt die cDNA der Tyrosinamino-  
10 transferase aus *Rattus norvegicus* (Accession No. NM\_012668) dar.

In einer bevorzugten Ausführungsform werden Organismen kultiviert, die gegenüber dem Wildtyp zusätzlich eine erhöhte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe  
15 Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, Tocopherolcyclase-Aktivität und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität aufweisen.

20

Unter Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase verstanden.

Unter einer Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase wird ein Protein  
25 verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Hydroxyphenylpyruvat in Homogentisat umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase umgesetzte Menge Hydroxyphenylpyruvat bzw.  
30 gebildete Menge Homogentisat verstanden.

Bei einer erhöhten Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer  
35 bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase die umgesetzte Menge Hydroxyphenylpyruvat bzw. die gebildete Menge Homogentisat erhöht.

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens  
40 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität des Wildtyps.

45

Unter Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Homogentisat-Phytyltransferase verstanden.

Unter einer Homogentisat-Phytyltransferase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Homogentisat und Phytylpyrophosphat in 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Homogentisat-Phytyltransferase umgesetzte Menge Homogentisat oder Phytylpyrophosphat bzw. gebildete Menge 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol verstanden.

Bei einer erhöhten Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Homogentisat-Phytyltransferase die umgesetzte Menge Homogentisat oder Phytylpyrophosphat bzw. die gebildete Menge 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol erhöht.

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität des Wildtyps.

Unter Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase verstanden.

Unter einer Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat in Phytylpyrophosphat umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase umgesetzte Menge Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat bzw. gebildete Menge Phytylpyrophosphat verstanden.

Bei einer erhöhten Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase die umgesetzte Menge Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat bzw. die gebildete Menge Phytylpyrophosphat erhöht.

## 11

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch 5 bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität des Wildtyps.

Unter 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität 10 wird die Enzymaktivität einer 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase verstanden.

Unter einer 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 15 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol in 2,3-Dimethyl-6-Phytylhydrochinol umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität die in einer 20 bestimmten Zeit durch das Protein 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase umgesetzte Menge 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol bzw. gebildete Menge 2,3-Dimethyl-6-Phytylhydrochinol verstanden.

25 Bei einer erhöhten 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase die umgesetzte Menge 30 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol bzw. die gebildete Menge 2,3-Dimethyl-6-Phytylhydrochinol erhöht.

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität mindestens 35 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität des Wildtyps.

40

Unter Tocopherolcyclase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Tocopherolcyclase verstanden.

Unter einer Tocopherolcyclase wird ein Protein verstanden, das 45 die enzymatische Aktivität aufweist, 2,3-Dimethyl-6-Phytylhydrochinol in  $\gamma$ -Tocopherol umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Tocopherolcyclase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Tocopherolcyclase umgesetzte Menge 2,3-Dimethyl-6-Phytylhydrochinol bzw. gebildete Menge  $\gamma$ -Tocopherol verstanden.

5

Bei einer erhöhten Tocopherolcyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Tocopherolcyclase die umgesetzte Menge 2,3-Dimethyl-6-Phytylhydrochinol bzw. die gebildete Menge  $\gamma$ -Tocopherol erhöht.

10

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Tocopherolcyclase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Tocopherolcyclase-Aktivität des Wildtyps.

Unter  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase verstanden.

20

Unter einer  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\gamma$ -Tocopherol in  $\alpha$ -Tocopherol umzuwandeln.

25

Dementsprechend wird unter  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase umgesetzte Menge  $\gamma$ -Tocopherol bzw. gebildete Menge  $\alpha$ -Tocopherol verstanden.

30

Bei einer erhöhten  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase die umgesetzte Menge  $\gamma$ -Tocopherol bzw. die gebildete Menge  $\alpha$ -Tocopherol erhöht.

35

Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität des Wildtyps.

Die Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, 2-Me-

45

- thyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, Tocopherolcyclase-Aktivität und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität kann unabhängig voneinander durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Expressions- und Protein-ebene oder durch Erhöhung der Genexpression der entsprechenden Nukleinsäuren, also der Erhöhung der Genexpression mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase gegenüber dem Wildtyp.
- mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase
- Die Erhöhung der Genexpression der entsprechenden Nukleinsäure gegenüber dem Wildtyp kann ebenfalls durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Induzierung der entsprechenden Gene durch Aktivatoren, also durch Induzierung des Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Gens, Homogentisat-Phytyltransferase-Gens, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Gens, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Gens, Tocopherolcyclase-Gens oder  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von einer oder mehrerer Genkopien der entsprechenden Nukleinsäuren, also durch Einbringen mindestens einer der Nukleinsäuren, ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase in den Organismus.

Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Homogentisat-Phytyltransferase, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Tocopherolcyclase

oder  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase wird erfindungsgemäß auch die Manipulation der Expression der Organismus eigenen, insbesondere der Pflanzen eigenen, endogenen Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenasen, Homogentisat-Phytyltransferasen, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktasen, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferasen, Tocopherolcyclasen oder  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferasen verstanden.

Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Homogentisat-Phytyltransferase, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Tocopherolcyclase oder  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine erhöhte Expressionsrate des entsprechenden Gens zur Folge hat, kann beispielsweise durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

Es ist, wie vorstehend beschrieben, möglich, die Expression der endogenen Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Homogentisat-Phytyltransferase, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Tocopherolcyclase oder  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

Desweiteren kann eine veränderte bzw. erhöhte Expression endogener Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-, Homogentisat-Phytyltransferase-, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-, Tocopherolcyclase- oder  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gene dadurch erzielt werden, dass ein im nicht transformierten Organismus nicht vorkommendes Regulator-Protein mit dem Promotor dieser Gene in Wechselwirkung tritt.

Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, im folgenden auch HPPD genannt, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure codierend eine HPPD in den Organismus.

Dazu kann prinzipiell jedes HPPD-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine HPPD codiert, verwendet werden.

Bei genomischen HPPD-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen  
5 Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirts-  
organismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt  
werden kann, die entsprechende HPPD zu exprimieren, bevorzugt be-  
reits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden  
cDNAs zu verwenden.

10

Beispiele für HPPD-Gene sind Nukleinsäuren, codierend eine HPPD  
aus *Arabidopsis thaliana* (Nukleinsäure: Seq. ID. No. 13, Protein:  
Seq. ID. No. 14) oder eine HPPD aus Gerste (WO 99/04021).

15 In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in die-  
ser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens  
ein weiteres HPPD-Gen vor. In dieser bevorzugten Ausführungsform  
weist der Organismus dementsprechend mindestens eine exogene Nuk-  
leinsäure, codierend eine HPPD oder mindestens zwei endogene Nuk-  
20 leinsäuren, codierend eine HPPD auf.

Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter  
Ausführungsform Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend  
die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 14 oder eine von dieser Se-  
25 quenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren  
abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vor-  
zugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevor-  
zugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Ami-  
nosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 14, und die die enzyma-  
30 tische Eigenschaft einer HPPD aufweisen.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 14 stellt die Aminosäuresequenz der HPPD  
aus *Arabidopsis thaliana* dar.

35 Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 30 %  
auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 14 aufweist,  
wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Ver-  
gleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 14, insbeson-  
dere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz  
40 eine Identität von mindestens 30 % aufweist.

Weitere Beispiele für HPPD und HPPD-Gene lassen sich beispiels-  
weise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz be-  
kannt ist, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder  
45 der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Da-  
tenbanken mit der Seq ID. NO. 14 leicht auffinden.

Die HPPD aus Gerste weist beispielsweise mit der HPPD aus *Arabidopsis thaliana* (Seq. ID. No. 14) eine Identität von 57,5% auf.

Weitere Beispiele für HPPD und HPPD-Gene lassen sich weiterhin  
5 beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ. ID. No. 13 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

10 In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der HPPD aus *Arabidopsis thaliana* (SEQ. ID. NO. 14).

15

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

20 Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

25

Soll das Protein beispielsweise in Pflanzen exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

30 In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 13 in den Organismus ein.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 13 stellt die genomische DNA aus *A. thaliana* dar, die die HPPD der Sequenz SEQ ID NO. 14 codiert.  
35

Alle vorstehend erwähnten HPPD-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix  
40 herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase  
45 und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren

werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Homogentisat-Phenyltransferase, im folgenden auch HPT genannt, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure codierend eine HPT in den Organismus.

- 10 Dazu kann prinzipiell jedes HPT-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine HPT codiert, verwendet werden.

Bei genomischen HPT-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirts-  
15 organismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende HPT zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

- 20 Beispiele für HPT-Gene sind Nukleinsäuren, codierend eine HPT aus *Arabidopsis thaliana* (Nukleinsäure: Seq. ID. No. 15, Protein: Seq. ID. No. 16) oder Nukleinsäuren, codierend eine HPT aus *Glycine max*, *Heliantus annuus*, *Nicotiana tabacum*, *Physcomitrella patens*, *Brassica napus*, *Oryza sativa*, *Hordeum vulgare* oder *Syn-  
25 echocystis sp. PCC6803*.

In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres HPT-Gen vor. In dieser bevorzugten Ausführungsform  
30 weist der Organismus dementsprechend mindestens eine exogene Nukleinsäure, codierend eine HPT oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, codierend eine HPT auf.

Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter  
35 Ausführungsform Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevor-  
40 zugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 16, und die die enzymatische Eigenschaft einer HPT aufweisen.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 16 stellt die Aminosäuresequenz der HPT  
45 aus *Arabidopsis thaliana* dar.

Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 30 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 16 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 16, insbesondere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 30 % aufweist.

Weitere Beispiele für HPT und HPT-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der Seq ID. NO. 16 leicht auffinden.

Die HPT aus *Synechocystis* sp. PCC6803 weist beispielsweise mit der HPT aus *Arabidopsis thaliana* (Seq. ID. No. 16) eine Identität von 40,9 % auf.

Weitere Beispiele für HPT und HPT-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ. ID. No. 15 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der HPT aus *Arabidopsis thaliana* (SEQ. ID. NO. 16).

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in Pflanzen exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 15 in den Organismus ein.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 15 stellt die genomische DNA aus *A. thaliana* dar, die die HPT der Sequenz SEQ ID NO. 16 codiert.

Alle vorstehend erwähnten HPT-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), *Molecular cloning: A laboratory manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, im folgenden auch GGPPOR genannt, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäuren codierend eine GGPPOR in den Organismus.

Dazu kann prinzipiell jedes GGPPOR-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine GGPPOR codiert, verwendet werden.

Bei genomischen GGPPOR-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirtorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende GGPPOR zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

Beispiele für GGPPOR-Gene sind Nukleinsäuren, codierend eine GGPPOR aus *Nicotiana tabacum* (Nukleinsäure: Seq. ID. No. 17, Protein: Seq. ID. No. 18) oder Nukleinsäuren, codierend eine GGPPOR aus *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Helianthus annuus*, *Physcomitrella patens*, *Brassica napus*, *Oryza sativa*, *Hordeum vulgare* oder *Synechocystis sp. PCC6803*.

In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres GGPPOR-Gen vor. In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der Organismus dementsprechend mindestens eine exogene Nukleinsäure, codierend eine GGPPOR oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, codierend eine GGPPOR auf.

## 20

Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren 5 abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 18, und die die enzymatische Eigenschaft einer GGPPOR aufweisen.

10

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 18 stellt die Aminosäuresequenz der GGPPOR aus *Nicotania tabacum* dar.

Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 30 % 15 auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 18 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 18, insbesondere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 30 % aufweist.

20

Weitere Beispiele für GGPPOR und GGPPOR-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen 25 aus Datenbanken mit der Seq ID. NO. 18 leicht auffinden.

Die GGPPOR aus *Arabidopsis thaliana* weist beispielsweise mit der GGPPOR aus *Nicotania tabacum* (Seq. ID. No. 18) eine Identität von 80 % auf.

30

Weitere Beispiele für GGPPOR und GGPPOR-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ. ID. No. 17 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden. 35

In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der GGPPOR aus *Nicotania tabacum* (SEQ. ID. NO. 18). 40

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich. 45

## 21

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht 5 ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in Pflanzen exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

10

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 17 in den Organismus ein.

15 Die Sequenz SEQ. ID. NO. 17 stellt die genomische DNA aus *Nicotiana tabacum* dar, die die GGPPOR der Sequenz SEQ ID NO. 18 codiert.

Alle vorstehend erwähnten GGPPOR-Gene sind weiterhin in an sich 20 bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode 25 (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory 30 manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, im folgenden auch MT1 35 genannt, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäuren codierend eine MT1 in den Organismus.

Dazu kann prinzipiell jedes MT1-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine MT1 codiert, verwendet werden.

40

Bei genomischen MT1-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende MT1 zu exprimieren, bevorzugt bereits 45 reits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

Beispiele für MT1-Gene sind Nukleinsäuren, codierend eine MT1 aus *Synechocystis sp. PCC6803* (Nukleinsäure: Seq. ID. No. 19, Protein: Seq. ID. No. 20).

- 5 In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres MT1-Gen vor. In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der Organismus dementsprechend mindestens eine exogene Nukleinsäure, codierend eine MT1 oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, codierend eine MT1 auf.

Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 20 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 20, und die die enzymatische Eigenschaft einer MT1 aufweisen.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 20 stellt die Aminosäuresequenz der MT1 aus *Synechocystis sp. PCC6803* dar.

- 25 Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 30 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 20 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 20, insbesondere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 30 % aufweist.

Weitere Beispiele für MT1 und MT1-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der Seq ID. NO. 20 leicht auffinden.

Weitere Beispiele für MT1 und MT1-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ. ID. No. 19 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine ko-

dieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der MT1 aus *Synechocystis* sp. PCC6803 (SEQ. ID. NO. 20).

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rück-  
5 Übersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden.  
10 Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in Pflanzen exprimiert werden, so  
15 ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 19 in den Orga-  
20 nismus ein.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 19 stellt die genomische DNA aus *Synechocystis* sp. PCC6803 dar, die die MT1 der Sequenz SEQ ID NO. 20 codiert.

25

Alle vorstehend erwähnten MT1-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix  
30 herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase  
35 und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Tocopherolcyclase,  
40 im folgenden auch CYC genannt, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäuren codierend eine CYC in den Organismus.

Dazu kann prinzipiell jedes CYC-Gen, also jede Nukleinsäure, die  
45 eine CYC codiert, verwendet werden.

Bei genomischen CYC-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende CYC zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

Beispiele für CYC-Gene sind Nukleinsäuren, codierend eine CYC aus *Synechocystis sp. PCC6803* (Nukleinsäure: Seq. ID. No. 21, Protein: Seq. ID. No. 22) oder Nukleinsäuren, codierend eine CYC aus *Glycine max*, *Heliantus annuus*, *Nicotiana tabacum*, *Physcomitrella patens*, *Brassica napus*, *Oryza sativa*, *Arabidopsis thaliana* oder *Hordeum vulgare*.

15 In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres CYC-Gen vor. In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der Organismus dementsprechend mindestens eine exogene Nukleinsäure, codierend eine CYC oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, codierend eine CYC auf.

Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 22 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 22, und die die enzymatische Eigenschaft einer CYC aufweisen.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 22 stellt die Aminosäuresequenz der CYC aus *Synechocystis sp. PCC6803* dar.

35 Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 30 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 22 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 22, insbesondere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 30 % aufweist.

Weitere Beispiele für CYC und CYC-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der Seq ID. NO. 22 leicht auffinden.

Die CYC aus *Arabidopsis thaliana* weist beispielsweise mit der CYC aus *Synechocystis* sp. PCC6803 (Seq. ID. No. 22) eine Identität von 29,1 % auf.

5 Weitere Beispiele für CYC und CYC-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ. ID. No. 21 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

10

In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Tocopherolcyclase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der CYC aus *Synechocystis* sp. PCC6803 (SEQ. ID. NO.

15 22).

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

20

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht

25 ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in Pflanzen exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

30

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 21 in den Organismus ein.

35 Die Sequenz SEQ. ID. NO. 21 stellt die genomische DNA aus *Synechocystis* sp. PCC6803 dar, die die CYC der Sequenz SEQ ID NO. 22 codiert.

Alle vorstehend erwähnten CYC-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode

45

(Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase

und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

- 5 In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, im folgenden auch  $\gamma$ -TMT genannt, durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäuren codierend eine  $\gamma$ -TMT in den Organismus.

10

Dazu kann prinzipiell jedes  $\gamma$ -TMT-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine  $\gamma$ -TMT codiert, verwendet werden.

- Bei genomischen  $\gamma$ -TMT-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen  
15 Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall daß der Wirtsorganismus nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende  $\gamma$ -TMT zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

20

- Beispiele für  $\gamma$ -TMT-Gene sind Nukleinsäuren, codierend eine  $\gamma$ -TMT aus *Arabidopsis thaliana* (Nukleinsäure: Seq. ID. No. 23, Protein: Seq. ID. No. 24) oder Nukleinsäuren, codierend eine  $\gamma$ -TMT aus *Glycine max*, *Heliantus annuus*, *Nicotiana tabacum*, *Physcomitrella patens*, *Brassica napus*, *Oryza sativa*, *Hordeum vulgare* oder *Synechocystis* sp. PCC6803.  
25

- In den erfindungsgemäßen transgenen Organismen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens  
30 ein weiteres  $\gamma$ -TMT-Gen vor. In dieser bevorzugten Ausführungsform weist der Organismus dementsprechend mindestens eine exogene Nukleinsäure, codierend eine  $\gamma$ -TMT oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, codierend eine  $\gamma$ -TMT auf.

- 35 Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 24 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vor-  
40 zugsweise mindestens 50%, bevorzugter mindestens 70%, noch bevorzugter mindestens 90%, am bevorzugtesten mindestens 95% auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 24, und die die enzymatische Eigenschaft einer  $\gamma$ -TMT aufweisen.

- 45 Die Sequenz SEQ. ID. NO. 24 stellt die Aminosäuresequenz der  $\gamma$ -TMT aus *Arabidopsis thaliana* dar.

Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 30 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 24 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 24, insbesondere nach obigen Programmalgorithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 30 % aufweist.

Weitere Beispiele für  $\gamma$ -TMT und  $\gamma$ -TMT-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der Seq ID. NO. 24 leicht auffinden.

Die  $\gamma$ -TMT aus *Synechocystis* sp. PCC6803 weist beispielsweise mit der  $\gamma$ -TMT aus *Arabidopsis thaliana* (Seq. ID. No. 24) eine Identität von 26,7 % auf.

Weitere Beispiele für  $\gamma$ -TMT und  $\gamma$ -TMT-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ. ID. No. 23 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der  $\gamma$ -TMT aus *Arabidopsis thaliana* (SEQ. ID. NO. 24).

Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der organismusspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage läßt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

Soll das Protein beispielsweise in Pflanzen exprimiert werden, so ist es häufig vorteilhaft, die codon usage der Pflanze bei der Rückübersetzung zu verwenden.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 23 in den Organismus ein.

Die Sequenz SEQ. ID. NO. 23 stellt die genomische DNA aus *A. thaliana* dar, die die  $\gamma$ -TMT der Sequenz SEQ ID NO. 24 codiert.

Alle vorstehend erwähnten  $\gamma$ -TMT-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

In einer weiter bevorzugten Ausführungsform des Verfahrens weisen die Organismen gegenüber dem Wildtyp zusätzlich eine reduzierte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität, Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität und Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität auf.

Unter einer reduzierten Aktivität wird sowohl die reduzierte als auch das komplette Ausschalten der Aktivität verstanden. Eine Reduzierung einer Aktivität umfasst demnach auch eine mengenmässige Verringerung des entsprechenden Proteins in dem Organismus bis hin zu einem vollständigen Fehlen des entsprechenden Proteins, beispielsweise zu testen durch eine fehlende Nachweisbarkeit der entsprechenden Enzymaktivität oder eine fehlende immunologische Nachweisbarkeit der entsprechenden Proteine.

Unter Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Homogentisat-Dioxygenase verstanden.

Unter einer Homogentisat-Dioxygenase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Homogentisat in Maleylacetoacetat umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Homogentisat-Dioxygenase umgesetzte Menge Homogentisat bzw. gebildete Menge Maleylacetoacetat verstanden.

Bei einer reduzierten Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Homogentisat-Dioxygenase die

umgesetzte Menge Homogentisat bzw. die gebildete Menge Maleylacetoacetat reduziert.

Vorzugsweise beträgt diese Reduzierung der Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt 100 %. Besonders bevorzugt ist die Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität komplett ausgeschaltet.

10 Unter Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Maleylacetoacetat-Isomerase verstanden.

Unter einer Maleylacetoacetat-Isomerase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Maleylacetoacetat  
15 in Fumarylacetoacetat umzuwandeln.

Dementsprechend wird unter Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Maleylacetoacetat-Isomerase umgesetzte Menge Maleylacetoacetat bzw. gebildete Menge  
20 Fumarylacetoacetat verstanden.

Bei einer reduzierten Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Maleylacetoacetat-Isomerase die  
25 umgesetzte Menge Maleylacetoacetat bzw. die gebildete Menge Fumarylacetoacetat reduziert.

Vorzugsweise beträgt diese Reduzierung der Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens  
30 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt 100 %. Besonders bevorzugt ist die Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität komplett ausgeschaltet.

Unter Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Fumarylacetoacetat-Hydrolase verstanden.  
35

Unter einer Fumarylacetoacetat-Hydrolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Fumarylacetoacetat in Fumarat umzuwandeln.

40 Dementsprechend wird unter Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Fumarylacetoacetat-Hydrolase umgesetzte Menge Fumarylacetoacetat bzw. gebildete Menge Fumarat verstanden.

Bei einer reduzierten Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Fumarylacetoacetat-Hydrolase die umgesetzte Menge Fumarylacetoacetat bzw. die gebildete Menge 5 Fumarat reduziert.

Vorzugsweise beträgt diese Reduzierung der Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt 100 %.  
10 Besonders bevorzugt ist die Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität komplett ausgeschaltet.

Die Homogentisat-Dioxygenase wird im folgenden auch als HGD bezeichnet, die Maleylacetoacetat-Isomerase wird im folgenden auch 15 als MAAI bezeichnet und die Fumarylacetoacetat-Hydrolase wird im folgenden auch als FAAH bezeichnet.

Es zahlreiche Möglichkeiten, um die HGD-, MAAI- und/oder FAAH-Aktivität in gewünschter Weise zu reduzieren.

20 Eine mögliche Methode umfasst die Verwendung mindestens einer Nukleinsäuresequenz, im folgenden auch anti-HGD, anti-MAAI bzw. anti-FAAH genannt, welche zu einer antisense-Nukleinsäuresequenz transkribierbar ist, die zur Inhibition der HGD-, MAAI- und/oder 25 FAAH-Aktivität befähigt ist, beispielsweise indem sie die Expression von endogener HGD, MAAI und/oder FAAH inhibiert.

Diese anti-HGD, anti-MAAI oder anti-FAAH-Nukleinsäuresequenzen können gemäss einer bevorzugten Ausführungsform die in antisense- 30 Orientierung insertierte kodierende Nukleinsäuresequenz der HGD MAAI und/oder FAAH oder funktional äquivalente Fragment der jeweiligen Sequenzen enthalten.

Vorteilhaft kann die antisense-Strategie mit einem Ribozym-Ver- 35 fahren gekoppelt werden. Ribozyme sind katalytisch aktive RNA Sequenzen, die gekoppelt an die antisense Sequenzen, die Zielsequenzen katalytisch spalten (Tanner NK. FEMS Microbiol Rev. 1999; 23 (3):257-75). Dies kann die Effizienz einer anti-sense Strategie erhöhen.

40 Weitere Methoden zur Reduzierung der HGD-, MAAI- und/oder FAAH-Expression, insbesondere in Pflanzen als Organismen umfassen die zu Kosuppression führende Überexpression homologer HGD-, MAAI- und/oder FAAH-Nukleinsäuresequenzen (Jorgensen et al., Plant Mol. 45 Biol. 1996, 31 (5):957-973) oder die Induktion des spezifischen RNA-Abbaus durch die Pflanze mit Hilfe eines viralen Expressionssystems (Amplikon) (Angell, SM et al., Plant J. 1999,

20(3):357-362). Diese Methoden werden auch als "post-transcriptional gene silencing" (PTGS) bezeichnet.

Weitere Methoden sind die Einführung von Nonsense-Mutationen in  
5 das Endogen mittels Einführung von RNA/DNA-Oligonukleotiden in  
die Pflanze (Zhu et al., Nat. Biotechnol. 2000, 18(5):555-558)  
oder die Generierung von Knockout-Mutanten mit Hilfe von z.B.  
T-DNA-Mutagenese (Koncz et al., Plant Mol. Biol. 1992,  
20(5):963-976) oder homologer Rekombination (Hohn, B. und Puchta,  
10 H, Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1999, 96:8321-8323.). Ferner ist  
eine Genüberexpression oder -repression auch mit spezifischen  
DNA-bindenden Faktoren z.B. mit den oben erwähnten Faktoren vom  
Typus der Zinkfingertranskriptionsfaktoren. Ferner können Fakto-  
ren in eine Zelle eingebracht werden, die das Zielprotein selber  
15 inhibieren. Die Protein-bindenden Faktoren können z.B. Aptamere  
sein (Famulok M, und Mayer G. Curr Top Microbiol Immunol. 1999;  
243:123-36).

Eine weitere Methode zur Reduzierung mindestens einer der vorste-  
20 hend beschriebenen Aktivitäten ist die Verwendung von RNA die  
einem Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem  
Bereich eine Nukleinsäuresequenz aufweist, die mit einem Teil der  
zu reduzierenden Zielsequenz identisch ist. Eine ausführliche Be-  
schreibung dieser Methode, die auch RNAi-Technologie genannt  
25 wird, ist in WO 99/32619 offenbart.

In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die zusätzlichen Re-  
duzierung mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der  
Gruppe HGD-, MAAI- und FAAH-Aktivität durch Reduzierung der Ge-  
30 nexpression mindestens einer Nukleinsäure, ausgewählt aus der  
Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Dioxygenase,  
Nukleinsäuren kodierend eine Maleylacetoacetat-Isomerase und Nuk-  
leinsäuren kodierend eine Fumarylacetoacetat-Hydrolase gegenüber  
dem Wildtyp.

35 Eine Reduzierung der Genexpression mindestens einer Nukleinsäure,  
ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Homogenti-  
sat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Maleylacetoacetat-  
Isomerase und Nukleinsäuren kodierend eine Fumarylacetoacetat-Hy-  
40 drolase gegenüber dem Wildtyp kann, wie vorstehend beschrieben,  
bevorzugt durch Verwendung folgender Methoden erreicht werden:

- a) Einführung von antisense-Nukleinsäuresequenzen;
- 45 b) Einführung von antisense-Nukleinsäuresequenzen kombiniert mit  
einem Ribozym-Verfahren

- c) Einführung von für homologe HGD-, MAAI und/oder FAAH-kodierende und zu Kosuppression führende Nukleinsäuresequenzen
- d) Einführung von HGD-, MAAI und/oder FAAH-Abbau bewirkende virale Nukleinsäuresequenzen und Expressionskonstrukte;
- e) Einführung von Nonsense-Mutanten von endogenen HGD-, MAAI und/oder FAAH kodierenden Nukleinsäuresequenzen;
- 10 f) Einführung von Knockout-Mutanten;
- g) Einführung von zu homologer Rekombination geeigneten Nukleinsäuresequenzen;
- 15 h) Einführung von RNA, die einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz aufweist, die mit einem Teil der Organismus eigenen Ziel-Nukleinsäuresequenz identisch ist.
- 20 Auch eine kombinierte Anwendung der vorstehend beschriebenen Methoden ist denkbar.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform des Verfahrens weisen die Organismen eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität auf.

Dies wird besonders bevorzugt dadurch erreicht, daß man in den Organismus eine RNA einbringt, die einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz aufweist, die mit einem Teil der Organismus eigenen Nukleinsäure, codierend eine Homogentisat-Dioxygenase identisch ist. Eine ausführliche Beschreibung dieser Methode, die auch RNAi-Technologie genannt wird, ist in WO 99/32619 offenbart.

35 Je nach verwendetem Organismus ist demnach ein unterschiedliches Teilfragment der Organismus eigenen Nukleinsäure, codierend eine Homogentisat-Dioxygenase, zu verwenden.

SEQ. ID. No. 25 stellt beispielsweise ein Teilfragment der HGD-codierenden Nukleinsäure aus *Brassica napus* dar, welches, in ein entsprechendes RNAi-Konstrukt integriert, die HGD-Aktivität in *Brassica napus* reduziert.

In weiteren bevorzugten Ausführungsformen des erfindungsgemäßen Verfahrens erfolgt die Herstellung von Vitamin E durch Kultivierung von Organismen, insbesondere von Pflanzen, die gegenüber dem Wildtyp

5

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

10

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte

15 Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität aufweisen,

20

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Tocopherolcyclase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte

25  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

30 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine reduzierte Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine reduzierte Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität aufweisen,

35

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität, eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

40 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte

45 Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

5 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Tocopherolcyclase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte  
10  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,  
15

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,  
20

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,  
25

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Tocopherolcyclase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,  
30

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,  
35

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,  
40

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine 2-Methyl-6-Phytylhydro-  
45

chinon-Methyltransferase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte  
5 Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und ein Tocopherolcyclase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

10 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität und eine g-Tocopherol-Methyltransferase, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

15 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität,  
25 und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, Tocopherolcyclase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

30 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine und eine g-Tocopherol-Methyltransferase, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, und eine Tocopherolcyclase-Aktivität, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

45 eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine g-Tocopherol-Methyltransferase, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

phosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, und eine g-Tocopherol-Methyltransferase, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

5

- eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität und eine erhöhte Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, und eine Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, und eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, und eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, und eine Tocopherolcyclase-Aktivität, und eine g-Tocopherol-Methyltransferase, und eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen,

10

- Unter Organismen werden erfindungsgemäß prokaryontische Organismen oder eukaryontische Organismen, wie beispielsweise Bakterien, Hefen, Algen, Moose, Pilze oder Pflanzen, verstanden, die in der Lage sind, als Wildtyp oder durch genetische Veränderung Vitamin E herzustellen. Bevorzugte Organismen sind photosynthetisch aktive Organismen, wie beispielsweise Cyanobakterien, Moose, Algen oder Pflanzen, die bereits als Wildtyp in der Lage sind, Vitamin E herzustellen.

20

Besonders bevorzugte Organismen sind Pflanzen.

- Bevorzugte Pflanzen sind Tagetes, Sonnenblume, Arabidopsis, Tabak, Roter Pfeffer, Soja, Tomate, Aubergine, Paprika, Möhre, Karotte, Kartoffel, Mais, Salate und Kohlarten, Getreide, Alfalfa, Hafer, Gerste, Roggen, Weizen, Triticale, Hirse, Reis, Luzerne, Flachs, Baumwolle, Hanf, Brassicaceen wie beispielsweise Raps oder Canola, Zuckerrübe, Zuckerrohr, Nuß- und Weinspezies oder Holzgewächse wie beispielsweise Espe oder Eibe.

30

- Besonders bevorzugt sind *Arabidopsis thaliana*, *Tagetes erecta*, *Brassica napus*, *Nicotiana tabacum*, Sonnenblume, Canola, Kartoffel oder Soja.

35

- Im erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung von Vitamin E wird vorzugsweise dem Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Organismen, im folgenden auch transgene Organismen bezeichnet, ein Ernten der Organismen und ein Isolieren von Vitamin E aus den Organismen angeschlossen.

40

- Das Ernten der Organismen erfolgt in an sich bekannter Weise dem jeweiligen Organismus entsprechend. Mikroorganismen, wie Bakterien, Moose, Hefen und Pilze oder Pflanzenzellen, die durch Fermentation in flüssigen Nährmedien kultiviert werden, können beispielsweise durch Zentrifugieren, Dekantieren oder Filtrieren

45

abgetrennt werden. Pflanzen werden in an sich bekannter Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

Die Isolierung von Vitamin E aus der geernteten Biomasse erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemische oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie.

10

Die Isolierung von Vitamin E aus Öl-haltigen Pflanzen erfolgt beispielsweise bevorzugt durch chemische Umwandlung und Destillation aus Pflanzenölen oder aus den bei der Desodorierung pflanzlicher Öle anfallenden Wasserdampfdestillate (Dämpferkondensate).

15

Weitere Isolierverfahren von Vitamin E aus Dämpferkondensaten sind beispielsweise in DE 31 26 110 A1, EP 171 009 A2, GB 2 145 079, EP 333 472 A2 und WO 94/05650 beschrieben.

20

Die Herstellung der transgenen Organismen, insbesondere Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangsorganismen, insbesondere Pflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase enthält, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten.

25

Vorzugsweise enthalten die erfindungsgemäßen Nukleinsäurekonstrukte zusätzlich eine, zwei oder drei Nukleinsäuren, ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten.

35

40

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform enthalten die vorstehend beschriebenen Nukleinsäurekonstrukte zusätzlich funktionell verknüpft eine RNA, die einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz aufweist, die mit einem Teil einer Nukleinsäure, codierend eine Homogentisat-Dioxygenase identisch ist.

45

Es ist, insbesondere in Pflanzen, technisch nur schwer zu realisieren, mehr als vier Aktivitäten mit einem Nukleinsäurekonstrukt zu erhöhen oder zu erniedrigen. Daher werden bevorzugt Kombinationen von Nukleinsäurekonstrukten verwendet um die Aktivitäten, 5 insbesondere um mehr als 4 Aktivitäten im Organismus zu erhöhen oder zu erniedrigen.

Es ist jedoch auch möglich, genetisch veränderte Organismen zu kreuzen, die bereits veränderte Aktivitäten enthalten. Beis- 10 pielsweise ist es durch Kreuzen von genetisch veränderten Organismen, die jeweils zwei veränderte Aktivitäten enthalten, möglich, Organismen mit vier veränderten Aktivitäten herzustellen. Gleiches kann auch erreicht werden, indem man eine Kombination von zwei Nukleinsäurekonstrukten die jeweils 2 Aktivitäten verän- 15 dern in den Organismus einführt.

In einer bevorzugten Ausführungsform werden die bevorzugten genetisch veränderten Organismen durch Einbringen von Kombinationen von Nukleinsäurekonstrukten hergestellt.

20

Dementsprechend betrifft die Erfindung insbesondere eine Kombination aus Nukleinsäurekonstrukten, wobei die Kombination ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase, funktionell 25 verknüpft mit einem oder mehreren Regulationssignalen, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten, und

a) mindestens ein weiteres Nukleinsäurekonstrukt, ausgewählt aus der Gruppe A bis F

30

A Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten,

35

B Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten und

40

C Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten, 45 leisten,

D Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten,  
5 leisten,

E Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend eine Tocopherolcyclase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription  
10 und Translation in Organismen gewährleisten und

F Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die  
15 Transkription und Translation in Organismen gewährleisten,

oder

b) mindestens ein weiteres Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend  
20 zwei, drei oder vier Nukleinsäurekonstrukte, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäurekonstrukte A bis F,

umfasst.

25 Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die kodierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen, insbesondere in Pflanzen gewährleisten, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

30

Dementsprechend betrifft die Erfindung ferner Nukleinsäurekonstrukte, insbesondere als Expressionskassette fungierende Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend eine Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase, die mit einem oder mehreren  
35 Regulationssignalen funktionell verknüpft ist, die die Transkription und Translation in Organismen, insbesondere in Pflanzen gewährleisten.

Vorzugsweise enthalten die Regulationssignale einen oder mehrere  
40 Promotoren, die die Transkription und Translation in Organismen, insbesondere in Pflanzen gewährleisten.

Die Expressionskassetten beinhalten Regulationssignale, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der  
45 kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfaßt eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor

und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für mindestens eines der vorstehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind. Unter  
5 einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, daß jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.

10

Bei der Verwendung von Pflanzen als Organismus enthalten die erfindungsgemäßen Nukleinsäurekonstrukte und Expressionskassetten vorzugsweise eine Nukleinsäure kodierend ein plastidäres Transitpeptid, das die Lokalisation in Plastiden gewährleistet.

15

Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie die transgenen Pflanzen selbst beschrieben.

20

Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten aber nicht darauf beschränkten Sequenzen sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER),  
25 im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärker wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693 -8711).

30 Als Promotoren der Expressionskassette ist grundsätzlich jeder Promotor geeignet, der die Expression von Fremdgenen in Pflanzen steuern kann. Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der CaMV 35S-Promotor  
35 aus dem Blumenkohl-Mosaik-Virus (Franck et al., Cell 21 (1980), 285-294). Dieser Promotor enthält bekanntlich unterschiedliche Erkennungssequenzen für transkriptionale Effektoren, die in ihrer Gesamtheit zu einer permanenten und konstitutiven Expression des eingeführten Gens führen (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989),  
40 2195-2202).

Die Expressionskassette kann auch einen chemisch induzierbaren Promotor enthalten, durch den die Expression des Ziel-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann. Der-  
45 artige Promotoren wie z.B. der PRP1-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993), 361-366), ein durch Salicylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzenesulfonamid-indu-

zierbarer (EP-A 388186), ein durch Tetrazyklin-induzierbarer (Gatz et al., (1992) Plant J. 2, 397-404), ein durch Abscisinsäure-induzierbarer (EP-A 335528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-induzierbarer (WO 93/21334) Promotor können beispielsweise verwendet werden.

Weiterhin sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, die die Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen beispielsweise die Biosynthese von Vitamin E bzw. dessen Vorstufen stattfindet. Insbesondere zu nennen sind Promotoren, die eine blattspezifische Expression gewährleisten. Zu nennen sind der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel oder der ST-LSI Promotor aus Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8 (1989), 2445-245).

15

Mit Hilfe eines samenspezifischen Promotors konnte ein Fremdprotein stabil bis zu einem Anteil von 0,67 % des gesamten löslichen Samenproteins in den Samen transgener Tabakpflanzen exprimiert werden (Fiedler und Conrad, Bio/Technology 10 (1995), 1090-1094). Die Expressionskassette kann daher beispielsweise einen samenspezifischen Promotor (bevorzugt den Phaseolin-Promotor (US 5504200), den USP- (Baumlein, H. et al., Mol. Gen. Genet. (1991) 225 (3), 459-467), LEB4-Promotor (Fiedler und Conrad, 1995), Sucrose-Bindeprotein-Promotor (Zitat), das LEB4-Signalpeptid, das zu exprimierende Gen und ein ER-Retentionssignal enthalten.

Der Biosyntheseort von Vitamin E ist in Pflanzen unter anderem das Blattgewebe, so daß eine blattspezifische Expression der erfundungsgemäßen Nukleinsäuren kodierend eine Tyrosinaminotransferase sinnvoll ist. Dies ist jedoch nicht einschränkend, da die Expression auch in allen übrigen Teilen der Pflanze - besonders in fetthaltigen Samen - gewebespezifisch erfolgen kann.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform betrifft deshalb eine samenspezifische Expression der vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren.

Darüberhinaus ist eine konstitutive Expression von exogenen Zielgenen von Vorteil. Andererseits kann aber auch eine induzierbare Expression wünschenswert erscheinen.

Die Wirksamkeit der Expression der transgen exprimierten Zielgene kann beispielsweise *in vitro* durch Sproßmeristemvermehrung ermittelt werden. Zudem kann eine in Art und Höhe veränderte Expression des Ziel-Gens und deren Auswirkung auf die Vitamin E-

Biosyntheseleistung an Testpflanzen in Gewächshausversuchen getestet werden.

Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer vorstehend beschriebenen Ziel-Nukleinsäure und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Ziel-Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein chloroplastenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, *Experiments with Gene Fusions*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., *Current Protocols in Molecular Biology*, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987) beschrieben sind.

Insbesondere bevorzugt sind insertierte Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Targeting in den Plastiden gewährleisten.

Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-Sequenz für ein Ziel-Protein-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chloroplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation des Ziel-Proteins in die Chloroplasten vom Ziel-Protein-Teil enzymatisch abgespalten werden.

Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2) oder dessen funktionellem Äquivalent abgeleitet ist.

Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der NcoI Schnittstelle:

PTP09

KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTGTC  
CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCTTCTTCTCTCACTTTTCCGGCCTTAA  
ATCCAATCCCAATATCACCACTCCCGCCGCGTACTCCTTCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTCG

TAAGGTCACCGGCGATTTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAACCTGAGACTGCGGGA  
TCC\_BamHI

pTP10

5

KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTGTC  
CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCTTCTTCTCTCACTTTTCCGGCCTTAA  
ATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCGTACTCCTTCCTCCGCGCCGCGCCGCGCGTCTG  
TAAGGTCACCGGCGATTTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAACCTGAGACTGCGCTG

10 GATCC\_BamHI

pTP11

KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTGTC  
15 CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCTTCTTCTCTCACTTTTCCGGCCTTAA  
ATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCGTACTCCTTCCTCCGCGCCGCGCCGCGCGTCTG  
TAAGGTCACCGGCGATTTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAACCTGAGACTGCGGGG  
ATCC\_BamHI

- 20 Ein weiteres Beispiel für ein plastidäres Transitpeptid ist das Transitpeptid der plastidären Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabidopsis thaliana*.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch her-  
25 gestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten verschiedener Organismen bestehen.

- 30 Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden.

35

Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die  
40 Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptoren oder Linker angesetzt werden.

Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Poly-  
45 linker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis

6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig austauschbar.

10

Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primerrepair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.

Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus *Agrobacterium tumefaciens*, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

30 Ferner betrifft die Erfindung die Verwendung der vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren kodierend ein Tyrosinaminotransferase oder der vorstehend beschriebenen Nukleinsäurekonstrukte oder der Tyrosinaminotransferase zur Herstellung von transgenen Organismen, insbesondere Pflanzen.

35

Vorzugsweise weisen diese transgenen Pflanze gegenüber dem Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Vitamin E auf.

Daher betrifft die Erfindung ferner die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren oder der erfindungsgemäßen Nukleinsäurekonstrukte zur Erhöhung des Gehalts an Vitamin E in Organismen, die als Wildtyp in der Lage sind, Vitamin E zu produzieren.

45

## 45

Es ist bekannt, daß Pflanzen mit einem hohen Vitamin-E-Gehalt eine erhöhte Resistenz gegenüber abiotischem Streß aufweisen. Unter abiotischem Streß wird beispielsweise Kälte, Frost, Trockenheit, Hitze und Salz verstanden.

5

Daher betrifft die Erfindung weiterhin die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren zur Herstellung transgener Pflanzen, die gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Resistenz gegenüber abiotischem Streß aufweisen.

10

Die vorstehend beschriebenen Proteine und Nukleinsäuren können zur Herstellung von Feinchemikalien in transgenen Organismen, vorzugsweise zur Herstellung von Vitamin E in transgenen Pflanzen verwendet werden.

15

Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom eines Organismus, insbesondere einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.

Dazu können insbesondere bei Pflanzen an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzen-  
geweben oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt werden.

Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die  
25 Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone - die sogenannte particle bombardment Methode, die Elektroporation, die Inkubation trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch Agrobacterium  
30 vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol.  
35 42 (1991), 205-225) beschrieben.

Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, Agrobacterium tumefaciens zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res.  
40 12 (1984), 8711).

Dementsprechend betrifft die Erfindung weiterhin Vektoren enthaltend die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, Nukleinsäurekonstrukte oder Expressionskassetten.

45

Mit einer Expressionskassette transformierte Agrobakterien können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien 5 kultiviert werden.

Die Expressionskassette kann über die Pflanzen hinaus auch zur Transformation von Bakterien, insbesondere Cyanobakterien, Moosen, Hefen, filamentösen Pilzen und Algen eingesetzt werden. 10

Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette, die eine Tyrosinaminotransferase exprimiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19, kloniert, 15 der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren.

Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung 20 gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in 25 Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein in die 30 Expressionskassette integriertes Gen für die Expression einer Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase enthalten.

Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einer für eine Tyrosinaminotransferase kodierenden Nukleinsäure wird 35 eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" 40 (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71-119 (1993) beschrieben.

Beispielhaft kann die pflanzliche Expressionskassette in ein Derivat des Transformationsvektors pBin-19 mit 35s Promotor (Bevan, M., Nucleic Acids Research 12: 8711-8721 (1984)) ein- 45 gebaut werden.

Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. 5 pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

Die Erfindung betrifft daher ferner die Verwendung der vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, der vorstehend beschriebenen Nukleinsäurekonstrukte, insbesondere der Expressionskassetten zur Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen oder zur Transformation von Pflanzen, -zellen, -geweben oder Pflanzenteilen. 10

15 Vorzugsweise ist Ziel der Verwendung die Erhöhung des Gehaltes der Pflanze oder Pflanzenteile an Vitamin E.

Dabei kann je nach Wahl des Promotors die Expression spezifisch 20 in den Blättern, in den Samen, Blütenblättern oder anderen Teilen der Pflanze erfolgen.

Dementsprechend betrifft die Erfindung ferner ein Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen indem man 25 eine vorstehend beschriebene Nukleinsäure oder ein vorstehend beschriebenes Nukleinsäurekonstrukt oder eine vorstehend beschriebene Kombination von Nukleinsäurekonstrukten in das Genom des Ausgangsorganismus einführt.

30 Die Erfindung betrifft ferner die vorstehend beschriebenen genetisch veränderten Organismen selbst.

Wie vorstehend erwähnt, weisen die genetisch veränderte Organismen, insbesondere Pflanzen einen erhöhten Gehalt Vitamin E 35 auf.

Die Erhöhung der Tyrosinamintransferase-Aktivität im Organismus zu einem weiteren Effekt. Es wird nicht nur der Gesamt-Vitamin E-Gehalt erhöht sondern es erfolgt zusätzlich eine selektive 40 Erhöhung der Tocotrienole im Vergleich zu den Tocopherolen.

Als Organismen und zur Herstellung von Organismen mit einem erhöhten Gehalt an Feinchemikalien im Vergleich zum Wildtyp werden in einer bevorzugten Ausführungsform, wie vorstehend 45 erwähnt, photosynthetisch aktive Organismen wie beispielsweise Cyanobakterien, Moose, Algen oder Pflanzen, besonders bevorzugt

Pflanzen als Ausgangsorganismen und dementsprechend auch als genetisch veränderte Organismen verwendet.

Solche transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut, sowie deren  
5 Pflanzenzellen, -gewebe oder -teile sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Bevorzugte Pflanzen sind, wie vorstehend ausgeführt Tagetes, Sonnenblume, Arabidopsis, Tabak, Roter Pfeffer, Soja, Tomate,  
10 Aubergine, Paprika, Möhre, Karotte, Kartoffel, Mais, Salate und Kohlarten, Getreide, Alfalfa, Hafer, Gerste, Roggen, Weizen, Triticale, Hirse, Reis, Luzerne, Flachs, Baumwolle, Hanf, Brassicaceen wie beispielsweise Raps oder Canola, Zuckerrübe, Zuckerrohr, Nuß- und Weinspezies oder Holzgewächse wie  
15 beispielsweise Espe oder Eibe.

Besonders bevorzugt sind *Arabidopsis thaliana*, *Tagetes erecta*, *Brassica napus*, *Nicotiana tabacum*, Sonnenblume, Canola, Kartoffel oder Soja.

20

Die genetisch veränderten Organismen, insbesondere Pflanzen können, können wie vorstehend beschrieben zur Herstellung von Vitamin E verwendet werden.

25 Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Vitamin-E können auch beispielsweise direkt oder nach an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden.

30

Die erfindungsgemäß, genetisch veränderten Pflanzen können ferner zur Herstellung von Vitamin E-haltigen Extrakten verwendet werden.

35 Erhöhung des Gehaltes an Vitamin E bedeutet im Rahmen der vorliegenden Erfindung vorzugsweise die künstlich erworbene Fähigkeit einer erhöhten Biosyntheseleistung dieser Verbindungen in der Pflanze gegenüber der nicht gentechnisch modifizierten Pflanze, vorzugsweise für die Dauer mindestens einer Pflanzen-  
40 generation.

Unter einem erhöhten Gehalt an Vitamin E wird in der Regel ein erhöhter Gehalt an Gesamt-Tocopherol verstanden. Unter einem erhöhten Gehalt an Vitamin E wird aber auch insbesondere ein  
45 veränderter Gehalt der vorstehend beschriebenen 8 Verbindungen mit Tocopherolaktivität verstanden.

Beispielsweise führt das Einbringen eines Tyrosinaminotransferase-Gens in Pflanzen überraschenderweise zu einem besonders erhöhten Anstieg des Gehalts an Tocotrienolen.

- 5 Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

Allgemeine Experimentelle Bedingungen:  
Sequenzanalyse rekombinanter DNA

10

Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenzierer der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463-5467).

15

Beispiel 1

Klonierung des Tyrosinaminotransferase-Gens kodierend die Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus*.

- 20 Die Präparation der RNA aus Rattenleber erfolgte in an sich bekannter Weise wie von S. Kar und B.J. Carr in Biochem. Biophys. Res. Commun. 1995, 212(1), 21-6 (*Differential display and cloning of messenger RNAs from the late phase of rat liver regeneration*), beschrieben.

25

Die cDNA Synthese wurde unter Verwendung des SuperScript II cDNA Synthese Kit (Gibco BRL) gemäß den Herstellerangaben durchgeführt.

- 30 Die Nukleinsäure kodierend eine Tyrosinaminotransferase wurde mittels *polymerase chain reaction* (PCR) aus *Rattus norvegicus* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (Tyrosinaminotransferase 5' SEQ.-ID Nr. 3) und eines antisense spezifischen Primers (Tyrosin-Aminotransferase 3' SEQ.-ID Nr. 4) amplifiziert.

35

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

40

- 2 µl einer *Rattus norvegicus* cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)

- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP

45 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>

- 5 µg Rinderserum-Albumin

- 40 pmol Tyrosin-Aminotransferase 5'Primer

## 50

- 40 pmol Tyrosin-Aminotransferase 3'Primer
- 15 µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 5 U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
- Schritt 2: 3 Sekunden 94°C
- 10 Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)
- Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)
- 30 Wiederholungen der Schritte 2-4
- Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)
- Schritt 6: 4°C (Warteschleife)
- 15 Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/RnTATAse1 wurde durch Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) Primers und des
- 20 M13R Primers bestätigt (SEQ. ID. No. 1 und SEQ. ID. NO. 3).

#### Beispiel 2

- Klonierung des Tyrosin-Aminotransferase-Gens 1 kodierend für die Tyrosin-Aminotransferase 1 aus *Arabidopsis thaliana*.

- Die DNA kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (At1Tyrosin-Aminotransferase 5' SEQ. ID. No. 28) und eines antisense spezifischen Primers (At1Tyrosin-Aminotransferase 3' SEQ. ID. No. 29) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 2µl einer *Arabidopsis thaliana* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40 - 40pmol At1Tyrosin-Aminotransferase 5'Primer
- 40pmol At1Tyrosin-Aminotransferase 3'Primer
- 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

- 45 Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

## 51

- Schritt 2: 3 Sekunden 94°C  
Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)  
Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)  
30 Wiederholungen der Schritte 2-4  
5 Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität  
10 des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/AtTATAse1 wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) Primers und des M13R bestätigt (Seq. ID. No. 5).

## Beispiel 3

- 15 Klonierung des Tyrosin-Aminotransferase-Gens 3 kodierend für die Tyrosin-Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana*.

Die DNA kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana*  
20 unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (At3Tyrosin-Aminotransferase 5': SEQ. ID. No. 30) und eines antisense spezifischen Primers (At3Tyrosin-Aminotransferase 3': SEQ. ID. No. 31) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

- 25 Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 2µl einer *Arabidopsis thaliana* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 30 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol At3Tyrosin-Aminotransferase 5'Primer
- 40pmol Ar3Tyrosin-Aminotransferase 3'Primer
- 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 35 - 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)  
40 Schritt 2: 3 Sekunden 94°C  
Schritt 3: 1 Minute 56°C (Annealing)  
Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)  
30 Wiederholungen der Schritte 2-4  
Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/AttTATase3 wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und 5 des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. Nr. 7).

#### Beispiel 4

Klonierung des Tyrosin-Aminotransferase-Gens 5 kodierend für die Tyrosin-Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana*.

10

Die DNA kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (At5Tyrosin-Aminotransferase 5': SEQ. ID. No. 32) und eines antisense spezi-  
15 fischen Primers (At5Tyrosin-Aminotransferase 3': SEQ. ID. No. 33) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten  
20 war:

- 2µl einer *Arabidopsis thaliana* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 25 - 40pmol At5Tyrosin-Aminotransferase 5'Primer
- 40pmol At5Tyrosin-Aminotransferase 3'Primer
- 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

30

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

35 Schritt 3: 1 Minute 56°C (Annealing)

Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

40 Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/AttTATase5 wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. No. 9).

45

## Beispiel 5

Klonierung des Tyrosin-Aminotransferase-Gens 6 kodierend für die Tyrosin-Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana*.

- 5 Die DNA kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 wird mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (At6Tyrosin-Aminotransferase 5': SEQ. ID. No. 34) und eines antisense spezifischen Primers (At6Tyrosin-Aminotransferase 3': SEQ. ID. No. 35) 10 amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 15 - 2µl einer *Arabidopsis thaliana* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol At6Tyrosin-Aminotransferase 5'Primer
- 40pmol Ar6Tyrosin-Aminotransferase 3'Primer
- 20 - 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wird unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- 25 Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
- Schritt 2: 3 Sekunden 94°C
- Schritt 3: 1 Minute 56°C (Annealing)
- Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)
- 30 30 Wiederholungen der Schritte 2-4
- Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

- Das Amplikon wird unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität 35 des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/AtTATase6 wird durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. Nr.-11).

## Beispiel 6

- 40 Klonierung des Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gens kodierend für die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum*

- Die DNA kodierend für Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase 45 -Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Nicotiana tabacum* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase 5': SEQ. ID. NO. 36) und

eines antisense spezifischen Primers (Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase 3': SEQ. ID. No. 37) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

5 Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 2µl einer *Nicotiana tabacum* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 10 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase 5'Primer
- 40pmol Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase 3'Primer
- 15µl 3,3x rTth- DNA Polymerase Puffer (PE Applied Biosystems)
- 5U rTth DNA Polymerase (PE Applied Biosystems)
- 15 Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

Schritt 3: 1 Minute 56°C (Annealing)

20 Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den  
25 PCR Klonierungsvektor pGEMTe (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/NtGGPPOR wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. No. 17).

30

Beispiel 7

Klonierung des Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Gens kodierend für die Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana*.

35

Die DNA kodierend für das Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (AtHydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase 5': SEQ. ID. No. 38) und eines antisense spezifischen Primers (AtHydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase  
40 3': SEQ. ID. Nr. 39) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten

45 war:

- 2µl einer *Arabidopsis thaliana* cDNA

## 55

- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol AtHydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase 5'Primer
- 40pmol AtHydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase 3'Primer
- 5 - 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- 10 Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
- Schritt 2: 3 Sekunden 94°C
- Schritt 3: 1 Minute 58°C (Annealing)
- Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)
- 15 30 Wiederholungen der Schritte 2-4
- Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/AtHPPD wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. No. 13).

#### Beispiel 8

- 25 Klonierung des Homogentisat-Prenyltransferase-Gens kodierend für die Homogentisat-Prenyltransferase aus *Arabidopsis thaliana*.

Die DNA kodierend für das Homogentisinsäure-Prenyltransferase-Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (AtHomogentisat-Prenyltransferase 5': SEQ. ID. Nr. 40) und eines antisense spezifischen Primers (AtHomogentisat-Prenyltransferase 3': SEQ. ID. No. 41) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

- 35 Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 2µl einer *Arabidopsis thaliana* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 40 - 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol AtHomogentisinsäure-Prenyltransferase 5'Primer
- 40pmol AtHomogentisinsäure-Prenyltransferase 3'Primer
- 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 45 - 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

## 56

- Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)  
 Schritt 2: 3 Sekunden 94°C  
 Schritt 3: 1 Minute 58°C (Annealing)  
 Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)  
 5 30 Wiederholungen der Schritte 2-4  
 Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität  
 10 des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/AtHPT wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. No. 15).

## Beispiel 9

- 15 Klonierung des 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Gens kodierend für die 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803.
- 20 Die DNA kodierend für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase 5': SEQ. ID. No. 42)  
 25 und eines antisense spezifischen Primers (2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase 3': SEQ. ID. No. 43) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

- 30 Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:
- 2µl einer *Synechocystis* sp. PCC6803 DNA
  - 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
  - 35 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
  - 5µg Rinderserum-Albumin
  - 40pmol 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase 5'Primer
  - 40pmol 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase 3'Primer
  - 40 - 15µl 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
  - 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- 45 Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)  
 Schritt 2: 3 Sekunden 94°C  
 Schritt 3: 1 Minute 58°C (Annealing)

## 57

Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

- 5 Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/SynMT1 wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq ID. No. 19).

10

Beispiel 10

- Klonierung des Tocopherolcyclase-Gens (auch 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase-Gen genannt) kodierend für die Tocopherolcyclase (auch 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase genannt) aus *Synechocystis* sp. PCC6803.

- Die DNA kodierend für 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase-Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase 5': SEQ. ID. No. 44) und eines antisense spezifischen Primers (2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase 3': SEQ.-ID Nr. 45) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

- 25 Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 2µl einer *Synechocystis* sp. PCC6803 DNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 30 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase 5'Primer
- 40pmol 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase 3'Primer
- 15µl 10 x PfuI-Turbo DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 5U PfuI-Turbo DNA Polymerase (Stratagene)

35

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

- 40 Schritt 3: 1 Minute 60°C (Annealing)

Schritt 4: 1,5 Minuten 72°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

- 45 Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pCRTopo4blunt (Invitrogen) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pCR4topoblunt/SynCyc

wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-20) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. No. 21).

#### Beispiel 11

- 5 Klonierung des  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gens kodierend für die  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana*.

Die DNA kodierend für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Arabidopsis thaliana* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (At $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase 5': SEQ. ID. No. 46) und eines antisense spezifischen Primers (At $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase 3': SEQ. ID. No. 47) amplifiziert.

- 15 Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 2 $\mu$ l einer *Arabidopsis thaliana* cDNA
- 20 - 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin
- 40pmol At $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase 5'Primer
- 40pmol At $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase 3'Primer
- 15 $\mu$ l 3,3x rTth DNA Polymerase XLPuffer (PE Applied Biosystems)
- 25 - 5U rTth DNA Polymerase XL (PE Applied Biosystems)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- 30 Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
- Schritt 2: 3 Sekunden 94°C
- Schritt 3: 1 Minute 58°C (Annealing)
- Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)
- 30 Wiederholungen der Schritte 2-4
- 35 Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR Klonierungsvektor pGEM-Te (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/At $\gamma$ TMT wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. Nr. 23).

#### Beispiel 12

- 45 Klonierung eines Teilfragmentes des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens kodierend für die Homogentisinsäure-Dioxygenase aus *Brassica napus*.

Die DNA kodierend für ein Teilfragmentes das Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Brassica napus* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (Homogentisinsäure-Dioxygenase 5': SEQ. ID. No. 48) und eines antisense spezifischen Primers (Homogentisinsäure-Dioxygenase 3': SEQ. ID. No. 49) amplifiziert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten  
10 war:

- 2µl einer *Brassica napus* cDNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 15 - 40pmol Homogentisinsäure-Dioxygenase 5' Primer
- 40pmol Homogentisinsäure-Dioxygenase 3' Primer
- 15µl 3,3x rTth- DNA Polymerase Puffer (PE Applied Biosystems)
- 5U rTth DNA Polymerase (PE Applied Biosystems)

20 Die PCR wurde unter folgenden Zyklus-Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

Schritt 3: 1 Minute 56°C (Annealing)

25 Schritt 4: 2 Minuten 72°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das Amplikon wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den  
30 PCR Klonierungsvektor pGEMTe (Promega) kloniert. Die Identität des erzeugten Amplikons im Vektor pGEMTe/\*BnHGD wurde durch vollständige Sequenzierung unter Verwendung des M13F (-40) und des M13R Primers bestätigt (Seq. ID. No. 25).

35 Beispiel 13

Erzeugung des DNA Konstruktes zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisat-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus*.

40 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die eine reduzierte Expression des Homogentisat-Dioxygenase Gens aus *Brassica napus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) verwendet. Dieser Vektor wurde so verändert,  
45 dass er den samenspezifischen Promotor des Vicilin Gens aus *Vicia faba* (Weschke W., Bassüner R., van Hai N., Czihal A., Bäumlein H., Wobus U. The structure of a *Vicia faba* Vicilin Gene. Bio-

chem. Physiol. Pflanzen 183, 233-242 (1988)), und das 2 Intron (IV2) des ST-LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. (Vancanneyt G., Schmidt R., O'Connor-Sanchez A., Willmitzer L., Rocha-Sosa M. Construction of an intron-containing marker gene: Splicing of the intron 5 in transgenic plants and its use in monitoring early events in Agrobacterium-mediated plant transformation. MGG (1990)), und das Terminationssignal-2 des Octopin-Synthase Gens aus *Agrobacterium tumefaciens* (Gielen et al. 1984) enthält.

- 10 Das DNA Fragment kodierend für das Teilfragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus* wurde als SacI/ScaI Fragment aus dem Plasmid pGEMTe/\*BnHGD in den mit SmaI geöffneten pSUN2-Pvic-STLS1-ocsT kloniert, nachdem die überstehenden Enden des Fragmentes mit der T4 Polymerase in glatte Enden überführt wurden. Das resultierende Plasmid pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1-ocsT wurde mit ScaI verdaut. In diesen linearisierten Vektor wurde erneut das Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus* als geglättetes SacI/ScaI Fragment aus dem Plasmid pGEMTe/\*BnHGD kloniert. Dabei wurde darauf geachtet, dass die beiden BnHGD-Fragmente in gegenläufiger Orientierung auf beiden Seiten des STLS1 Introns vorhanden sind. Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT (Abbildung 1) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* bzw. *A.thaliana* Pflanzen verwendet.

25

- Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 1 beinhaltet den Promotor des Vicilin Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure Dioxygenase Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des ST-LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin-Gens.

#### Beispiel 14

- 35 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *A.thaliana*, *Nicotiana tabacum* bzw. *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (Patent WO 02/00900) verwendet. Dieser Vektor wurde so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des *Vicia faba* Unknown-Seed-Protein-Gens (USPP) (Bäumlein H., Boerjan W., Nagy I., Bassüner R., van Montagu M., Inzé D., Wobus U. A novel seed protein gene from *Vicia faba* is developmentally regulated in-

transgenic tobacco and *Arabidopsis* plants. MGG 225:459-467 (1991)  
, die Sequenz kodierend für das Chloroplasten-Transitpeptid des  
*Vicia faba* Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (*rbcS*) Gens (Gueri-  
neau F., Woolston S., Brooks L., Mullineaux P. An expression cas-  
5 sette for targeting foreign proteins into chloroplasts. Nucleic  
Acids Res 16(23): 11380. (1988)) und das Terminationssignal des  
Nopalin-Synthase Gens aus *A.tumefaciens* (Depicker A, Stachel S,  
Dhaese P, Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript  
mapping and DNA sequence. J Mol Appl Genet. 1982;1(6):561-73.)  
10 enthält.

Das DNA Fragment kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen  
aus *Rattus norvegicus* wurde als EcoR5 Fragment aus dem Plasmid  
pGEMTe/RnTATase in den pSUN2-USPP-*rbcS*-nostT kloniert, nachdem  
15 dieser mit dem Restriktionsenzym SmaI verdaut wurde. Dadurch  
wurde eine Translationsfusion mit dem Transitpeptid der Ribulose-  
Bisphosphat-Carboxylase (*rbcS*) erzeugt und somit ein Import der  
Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* in die Plastiden  
gewährleistet.

20 Dieses Plasmid (pSUN2USPP-*rbcS*-RnTATase-nostT, Abbildung 2) wird  
zur Erzeugung transgener *Brassica napus* bzw. *A.thaliana* Pflanzen  
verwendet.

25 Fragment A (678Bp) in Abbildung 2 beinhaltet den Promotor des Un-  
know-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp)  
kodiert für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxy-  
lase (*rbcS*) aus *Vicia faba*. Fragment C (1365 Bp) kodiert für das  
Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Fragment D  
30 (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase  
Gens aus *A.tumefaciens*.

#### Beispiel 15

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Amino-  
35 transferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines sa-  
mensspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase  
40 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen  
Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) ver-  
wendet.

Dieser Vektor wurde so verändert, dass er den samenspezifischen  
45 Promotor des *Vicia faba* "Unknown-Seed-Protein" (USPP) (Bäumlein  
et al., 1991) und das Terminationssignal des Nopalin-Synthase  
Gens aus *Agrobacterium tumefaciens* (GIELEN, J., de BEUCKELEER,

M., SEURINCK, J., DEBROECK, H., de GREVE, H., LEMMERS, M., van MONTAGU, M., SCHELL, J. The complete nucleotide sequence of the TL-DNA of the *Agrobacterium tumefaciens* plasmid pTiAch5. *EMBO J.* 3: 835-846. (1984)) enthält.

5

Das DNA Fragment kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* wurde aus dem Plasmid pGEMTe/AtTATase1 als Sall Fragment isoliert, und nachdem die Sall Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt wurde, in den pSUN2-USPP-nosT kloniert, nachdem dieser mit dem Restriktionsenzym SmaI parzial verdaut wurde (Grösse des linearisierten Vektors 8250Bp).

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT, Abbildung3) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

15 Fragment A (678Bp) in Abbildung 3 beinhaltet den Promotor des Unknown-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1269 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

20

#### Beispiel 16

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

25

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) verwendet.

30

Dieser Vektor wurde so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des *Vicia faba* "Unknown-Seed-Protein" (USPP) (Bäumlein et al., 1991) und das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus *Agrobacterium* (Gielen et al. 1984) enthält.

35

Das DNA Fragment kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* wurde aus dem Plasmid pGEMTe/AtTATase3 als Sall Fragment isoliert, und nachdem das Sall Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt wurde, in den pSUN2-USPP-nosT kloniert, nachdem dieser mit dem Restriktionsenzym SmaI parzial verdaut wurde (Grösse des linearisierten Vektors 8250Bp).

40

Dieses Plasmid (pSUN2USPP-AtTATase3-nosT, Abbildung 4) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

45

Fragment A (678 Bp) in Abbildung 4 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1334 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

#### Beispiel 17

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) verwendet.

Dieser Vektor wurde so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des *Vicia faba* "Unknown-Seed-Protein" (USPP) (Bäumlein et al., 1991) und das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus Agrobakterium (Gielen et al. 1984) enthält.

Das DNA Fragment kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* wurde aus dem Plasmid pGEMTe/AtTATase5 als BamH1 Fragment isoliert, und nachdem das BamH1 Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt wurde, in den pSUN2-USPP-nost kloniert, nachdem dieser mit dem Restriktionsenzym Sma1 parcial verdaut wurde (Grösse des linearisierten Vektors 8250Bp).

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtTATase5-nost, Abbildung5) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (678 Bp) in Abbildung 5 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1389 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

#### Beispiel 18

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen

Promotors exprimieren, wird der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) verwendet.

Dieser Vektor wird so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des *Vicia faba* "Unknown-Seed-Protein-Gens" (USPP) (Bäumlein et al., 1991) und das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus *Agrobacterium* (Gielen et al. 1984) enthält. Das DNA Fragment kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana* wird aus dem Plasmid pGEMTe/AtTATase5 als Sall Fragment isoliert, die Sall Ende werden mit dem Klenow Enzym aufgefüllt, in den pSUN2-USPP-nosT kloniert, der mit dem Restriktionsenzym SmaI parzial wird (Grösse des linearisierten Vektors 8250Bp).

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT, Abbildung6) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (678 Bp) in Abbildung 6 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 19

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) verwendet.

Zuerst wurde der Vektor puc19 (New England Biolabs) so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des Legumin B4 Gens (Kafatos et al., 1986), und das Terminationssignal der Nopalin-Synthase aus *A. tumefaciens* (Depicker et al., 1982) enthält. Der resultierende Vektor heißt puc19-LeB4-nosT.

Das DNA Fragment kodierend für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* wurde als KpnI/Sall Fragment in puc19LeB4nosT kloniert, nachdem dieser mit den Restriktionsenzymen KpnI/Sall verdaut wurde.

Aus dem Vektor puc19-LeB4-NtGGPPOR-nosT, wurde die DNA bestehend aus LeB4-Promotor, Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen (Nucleotid 1 bis 1323 von Seq. ID 7) als Sma1/Hind3 Fragment isoliert und in den Vektor pSUN2 kloniert, nachdem dieser mit dem 5 Restriktionsenzym Sma1/Hind3 verdaut wurde. Der daraus resultierende Vektor heißt pSUN2-LeB4-NtGGPPOR(nuc.1-1323). Aus dem Vektor puc19-LeB4-NtGGPPOR-nosT, wurde die DNA bestehend aus Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen (Nucleotid 1319 bis 1509 von Seq. ID. No 17), nos-Terminationssequenz als Hind3 Fragment 10 gement isoliert und in den Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR(nuc.1-1323) eingefügt, nachdem dieser ebenfalls mit Hind3 geschnitten wurde.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT, Abbildung 7) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

15 Fragment A (2764 Bp) in Abbildung 7 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* und Fragment C kodiert (272Bp) für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

20

#### Beispiel 20

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Hydroxyphenylpyruvate-dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

25

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Hydroxyphenylpyruvate-dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wird der Vektor pSUN2 (WO 30 02/00900) verwendet.

Dieser Vektor wird so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des *Vicia faba* "Unknown-Seed-Protein-Gens" (USPP) (Bäumlein et al., 1988) und das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase-Gens aus *A. tumefaciens* (Depicker et al., 1982) enthält. 35

Das DNA Fragment kodierend für das Hydroxyphenylpyruvate-dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* wird aus dem Plasmid pGEMTe/AtHPPD als BamH1/Sal1 Fragment isoliert und nachdem das BamH1 Ende und 40 Sal1 Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt werden, in den mit dem Restriktionsenzym Sma1 parzial verdauten Vektor pSUN2-USPP-ocst kloniert (Grösse des linearisierten Vektors 8691Bp).

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPPD-ocst, Abbildung 8) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet. 45

Fragment A (678 Bp) in Abbildung 8 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1338 Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 21

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wird der Vektor pSUN2 (Wo 02/00900) verwendet.

Dieser Vektor wird so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des *Vicia faba* "Unknown-Seed-Protein-Gens" (USPP) (Bäumlein et al., 1991) und das Terminationssignal-1 des Nopalinsynthase-Gens aus *A. tumefaciens* (Depicker et al., 1982) enthält.

Das DNA Fragment kodierend für das Homogentisinsäure Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* wird aus dem Plasmid pGEMTe/AtHPT als BamHI Fragment isoliert, die BamHI Ende werden mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den SmaI parzial verdauten pSUN2-USPP-ocst kloniert (Grösse des linearisierten Vektors 88691Bp).

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPT-ocst, Abbildung 9) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A ( 678 Bp) in Abbildung 9 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1182 Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 22

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferas aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kon-

trolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wird der Vektor pSUN2 (WO 02/00900) verwendet.

Dieser Vektor wird so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des LeguminB4-Gens (Kafatos et al., 1986), die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) und das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens aus *A.tumefaciens* (Depicker et al., 1982)) enthält.

10

Das DNA Fragment kodierend für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 wird aus dem Plasmid pGEMTe/SynMT1 als BamH1 Fragment isoliert, die BamH1 Ende werden mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den SalI verdauten pSUN2-Leb4P-IPP-nosT kloniert, dessen SalI Enden ebenfalls mit dem Klenow Enzym aufgefüllt werden. Dadurch wird eine Translationsfusion mit dem Transitpetid der IPP-2 erzeugt und somit ein Import der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase in den Chloroplasten gewährleistet.

Dieses Plasmid (pSUN2LeB4-IPP-SynMT1-nosT, Abbildung 10) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (2764 Bp) in Abbildung 10 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (957 Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803 und Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 23

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, wird der Vektor pSUN2 (Wo 02/00900) verwendet.

Dieser Vektor wird so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des Legumin-B4-Gens (Kafatos et al., 1986), die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) und das Ter-

minationssignal des Nopalins-Synthase Gens aus *A. tumefaciens* (Depicker et al., 1982) enthält.

Das DNA Fragment kodierend für das 2,3-Dimethyl-5-Phytylplasto-  
5 chinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 wird aus dem Plasmid  
pGEMTe/SynCyc als BamH1 Fragment isoliert, die BamH1 Ende werden  
mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den Sal1 verdauten  
pSUN2-Leb4P-IPP-nosT kloniert, dessen Sal1 Enden ebenfalls mit  
dem Klenow Enzym aufgefüllt werden. Dadurch wird eine Translati-  
10 onsfusion mit dem Transitpetid der IPP-2 erzeugt und somit ein  
Import der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase in den Chlo-  
roplasten gewährleistet. Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4P-IPP-SynCyc-  
nosT, Abbildung 11) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus*  
Pflanzen verwendet.

15 Fragment A (2764 Bp) in Abbildung 11 beinhaltet den Promotor des  
LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das  
Transitpeptid der *A. thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isome-  
rase-2. Fragment C (1100 Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phy-  
tylplastochinol Zyklase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. und  
20 Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopa-  
lin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 24

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der  $\gamma$ -Tocopherol-Me-  
25 thyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines  
samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
gener *Brassica napus* Pflanzen, die die  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltrans-  
30 ferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezi-  
fischen Promotors exprimieren, wurde der Vektor pSUN2 (WO  
02/00900) verwendet.

Zuerst wurde der Vektor puc19 (New England Biolabs) so verändert,  
35 dass er den samenspezifischen Promotor des Sucrose-Binding-Pro-  
tein-Gens (SBP-P) (DE 19852195 C2) und die 35s-Terminationsse-  
quenz des Blumenkohlmosaikvirus (FRANCK, A., GUILLEY, H., JONARD,  
G., RICHARDS, K., HIRTH, L. Nucleotide sequence of cauliflower  
mosaik virus DNA. Cell 21: 285-294. (1980)) enthält. Der resul-  
40 tierende Vektor heißt puc19-SBPP-35ST.

Das DNA Fragment kodierend für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-  
Gen aus *Arabidopsis thaliana* wurde als BamH1/Sal1 Fragment in  
puc19-SBPP-AtyTMT-35ST kloniert, nachdem dieser mit dem Restrikti-  
45 onsenzym BamH1/Sal1 verdaut wurde.

Mittels PCR wurde die Expressionkassette bestehend aus: SBP-Promotor,  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und 35sT Terminationssequenz, unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (SBPP-XbaI 5': SEQ. ID. No. 50) und eines anti-sense spezifischen Primers (35ST-XbaI 3': SEQ. ID. No. 51), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

10 Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 1 $\mu$ l einer puc19-SBPP-At $\gamma$ TMT-35ST Plasmid-DNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 15 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin
- 40pmol SBPP-XbaI 5'Primer
- 40pmol 35ST-XbaI 3'Primer
- 5 $\mu$ l 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)

20 Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)

25 Schritt 4: 10 Minuten 68°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

30 Das DNA Fragment bestehend aus SBP-Promotor,  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und 35ST Terminationssequenz wurde aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/SBPP- $\gamma$ TMT-35ST als XbaI Fragment isoliert und in den Vektor pSUN2 kloniert, nachdem dieser mit dem Restriktionsenzym XbaI verdaut wurde.

35 Dieses Plasmid (pSUN2-SBPP- $\gamma$ TMT-35ST, Abbildung 12) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

40 Fragment A (1788Bp) in Abbildung 12 beinhaltet den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (291Bp) kodiert für den 35s-Terminator des Blumenkohl-mosaikvirus.

Beispiel 25

45 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression des Tyrosin-Aminotransferase Gens aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors, in Kombination mit der samenspezifischen

schen Unterdrückung der Expression des Homogentisat-Dioxygenase Gens aus *Brassica napus*.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
 5 gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren und gleichzeitig die samenspezifische Unterdrückung der Expression des Homogentisat-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* vermitteln, wurde der Vektor pSUN2-Pvic-  
 10 BnHGD\*-STLS1- $\alpha$ BnHGD\*-ocst und der Vektor pSUN2USPP-rbcS-RnTATase-nost, verwendet.

Aus dem Vektor pSUN2USPP-rbcS-RnTATase-nost, wurde mittels PCR die Expressionkassette bestehend aus: USP-Promotor, rbcS Transit-  
 15 peptid, Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz, unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (USPP-Srf1 5': SEQ. ID. No. 52) und eines antisense spezifischen Primers (nost-Srf1 3': SEQ. ID. No. 53), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert.

20

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 25 - 1 $\mu$ l des pSUN2-USPP-rbcS-RnTATase-nost Plasmid-DNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin
- 40pmol USPP-Srf1 5'Primer
- 40pmol nost-Srf1 3'Primer
- 30 - 5 $\mu$ l 10x PfuI Turbo DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 5U PfuI Turbo DNA Polymerase (Stratagene)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

35

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)

Schritt 4: 8 Minuten 68°C (Elongation)

40

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

45

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, rbcS Transitpeptid, Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus* und nos Terminationsequenz wurde aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnATase-nost als Srf1 Fragment isoliert und in den

## 71

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT kloniert, nachdem dieser mit dem Restriktionsenzym EcoR5 verdaut wurde.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT-USPP-rbcS-  
5 RnATase-nosT, Abbildung 13) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 13 beinhaltet den Promotor des  
Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein-  
10 en Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica  
napus* und Fragment C (198Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des  
ST-LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit  
Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment  
E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens.  
15 Fragment F ( 678 Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-  
Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment G (235Bp) kodiert für das  
Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (rbcS) aus *Vi-  
cia faba*. Fragment H (1365 Bp) kodiert für das Tyrosin-Amino-  
transferase-Gen aus *Rattus norvegicus* und Fragment I (272Bp) ko-  
20 diert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthese-Gens aus  
*Agrobacterium tumefaciens*.

## Beispiel 26

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-amino-  
25 transferase-1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines sa-  
mensspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung  
der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Bras-  
sica napus*

30 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-aminotransferase-1  
aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen  
Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen Homogen-  
tisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch  
35 unterdrücken, wurden die Vektoren pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT und  
der Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT miteinander kombi-  
niert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend  
40 aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1 Gen aus *Arabidopsis  
thaliana* und nos-Terminator wurde aus dem Plasmid pSUN2-USPP-At-  
TATase1-nosT als EcoR1/SmaI Fragment isoliert, das EcoR1 Ende  
wurde mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoR5 ver-  
dauten pSUNPvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst/USPP-AtTA-Tase1-nosT Abbildung 14) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

- 5 Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 14 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2. Intron (IV2) des STLS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit
- 10 Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin-Gens. Fragment
- Fragment F (678Bp) beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment G (1269Bp) kodiert für
- 15 das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopal-Synthase Gens.

#### Beispiel 27

- 20 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure Dioxygenase Gens aus *Brassica napus*
- 25 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch
- 30 unterdrücken, wurden die Vektoren pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT und der Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst miteinander kombiniert.
- 35 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT als EcoR1/SmaI Fragment isoliert, das EcoR1 wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoR5
- 40 verdauten pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst/USPP-AtTATase3-nosT Abbildung 15) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

## 73

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 15 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des ST-  
 5 LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens. Fragment F (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment G (1334Bp) kodiert für  
 10 das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopal-Synthase Gens.

## Beispiel 28

15 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin- Amino-transferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus*

20

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen Homogen-  
 25 tisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, wurden die Vektoren pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT und der Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst miteinander kombiniert.

30 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem aus dem Plasmid

pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoRI  
 35 verdauten pSUNPvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst/USPP-AtTATase5-nosT Abbildung 16) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

40

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 16 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des ST-  
 45 LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens.

Fragment F (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment G (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

#### Beispiel 29

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus*

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, wurden die Vektoren pSUN2-USPP-AtTATase6-nost und der Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase6-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoRI verdauten pSUNPvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT/USPP-AtTATase6-nost Abbildung 17) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 17 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des STLS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens. Fragment F ( 678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment G (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 30

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyrophosphat-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LEB4-NtGGPPOR-nost und pCR4topoblunt-USPP-rbcS-RnTATase1-nost miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnTATase1-nost als SrfI Fragment isoliert und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost kloniert, dessen XhoI Enden zuvor mit dem Klenow Enzym geglättet werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPORnost/USPP-rbcS-RnTATase1-nost Abbildung 18) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (678Bp) in Abbildung 18 beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (rbcS) aus *Vicia faba*. Fragment C (1365Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus *A. tumefaciens*.

Fragment E (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment F (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 31

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

## 76

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT und pSUN2-USPP-AtTA-Tase1-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTA-Tase1-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT kloniert, dessen XhoI Enden zuvor mit dem Klenow Enzym geglättet werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT/USPP-AtTA-Tase1-nosT Abbildung 19) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

Fragment A (678Bp) in Abbildung 19 beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1269Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase-Gen aus *Nicotiana tabacum*. Fragment F (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

## 30 Beispiel 32

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT und pSUN2-USPP-AtTA-Tase3-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTA-

Tase3-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT kloniert, dessen XhoI Enden zuvor mit dem Klenow Enzym geglättet werden.

5

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPORnosT/USPP-AtTATase3-nosT Abbildung 20) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

- 10 Fragment A (678Bp) in Abbildung 20 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1334Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* und. Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum*. Fragment F (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

## 20 Beispiel 33

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

25

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT miteinander kombiniert.

- 35 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT kloniert, dessen XhoI Enden zuvor mit dem Klenow Enzym geglättet werden.

40

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPORnosT/USPP-AtTATase5-nosT Abbildung 21) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen

45 verwendet

Fragment A ( 678Bp) in Abbildung 21 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum*. Fragment F (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens

10

#### Beispiel 34

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT und pSUN2-USPP-AtTA-Tase6-nosT miteinander kombiniert.

25

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTA-Tase6-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT kloniert, dessen XhoI Enden zuvor mit dem Klenow Enzym geglättet werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPORnosT/USPP-AtTATase6-nosT Abbildung 22) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A ( 678Bp) in Abbildung 22 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum*. Fragment F (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens

**Beispiel 35**

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-  
transferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspe-  
zifischen Promotors und Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus Ara-  
5 *bidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promo-  
tors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase  
10 aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen  
Promotors exprimieren, und die Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase  
aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden  
die Vektoren pSUN2-USPP-AthPPD-ocsT und pCR4topoblunt-USPP-rbcS-  
RnTATasel-nosT miteinander kombiniert.

15

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Tyrosin-Aminotrans-  
ferase aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz wird aus  
dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnTATasel-nosT als SrfI Frag-  
ment isoliert und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-  
20 AthPPD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AthPPD-ocsT/USPP-rbcS-RnTATasel-nosT  
Abbildung 23) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflan-  
zen verwendet.

25

Fragment A (678Bp) in Abbildung 23 beinhaltet den Promotor des  
Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B  
(235Bp) kodiert für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-  
Carboxylase (*rbcS*) aus *Vicia faba*. Fragment C (1365Bp) kodiert  
30 für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Frag-  
ment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-  
Synthase Gens aus *A. tumefaciens*.

Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Pro-  
tein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment F (1338Bp) kodiert für das  
35 Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*.  
Fragment G (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octo-  
pin-Synthase Gens.

**Beispiel 36**

40 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-  
transferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines sa-  
menspezifischen Promotors und der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxyge-  
nase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifi-  
schen Promotors

45

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AthPPD-ocsT und pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AthPPD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AthPPD-ocsT /USPP-AtTATase1-nosT Abbildung 24) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

Fragment A (678Bp) in Abbildung 24 beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1269Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 37

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AthPPD-ocsT und pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende wird

mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT /USPP-AtTATase3-nosT Abbildung 25) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (678Bp) in Abbildung 25 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1334Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 38

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT und pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-AtYMT-35sT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT /USPP-AtTATase5-nosT Abbildung 26) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (678Bp) in Abbildung 26 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den

Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

5

#### Beispiel 39

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxyge-  
10 nase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6  
15 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT und pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT miteinander kombiniert.

20

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende wird  
25 mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT/USPP-AtTATase6-nosT Abbildung 27) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen  
30 verwendet

Fragment A (678Bp) in Abbildung 27 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis*  
35 *thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Ter-  
40 minationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 40

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspe-  
45 zifischen Promotors und Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus

*Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AthPT-ocst und pCR4topoblunt-USPP-rbcS-RnTATasel-nost miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnTATasel-nost als SrfI Fragment isoliert und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AthPT-ocst kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AthPT-ocst/USPP-rbcS-RnTATasel-nost Abbildung 28) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (678Bp) in Abbildung 28 beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodierend für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (*rbcS*) aus *Vicia faba*. Fragment C (1365Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Fragment D (272Bp) für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus *A. tumefaciens*.

Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment F (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### 35 Beispiel 41

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden

die Vektoren pSUN2-USPP-AtHPT-ocst und pSUN2-USPP-AtTATase1-nost miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase1-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AtHPT-ocst kloniert.

10

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPT-ocst/USPP-AtTATase1-nost Abbildung 29) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

15 Fragment A (678Bp) in Abbildung 29 beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1269Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

25 Beispiel 42

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AtHPT-ocst und pSUN2-USPP-AtTATase3-nost miteinander kombiniert.

40 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase3-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor

45 pSUN2-USPP-AtHPT-ocst kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPT-ocst /USPP-AtTATase3-nost Abbildung 30) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

5 Fragment A (678Bp) in Abbildung 30 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1334Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### 15 Beispiel 43

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-USPP-AtHPT-ocst und pSUN2-USPP-AtTATase5-nost miteinander kombiniert.

30 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase5-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AtHPT-ocst kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPT-ocst/USPP-AtTATase5-nost Abbildung 31) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

#### 40

Fragment A (678Bp) in Abbildung 31 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-

Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 44

- 5 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

10

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren,
- 15 werden die Vektoren pSUN2-USPP-AtHPT-ocst und pSUN2-USPP-AtTA-Tase6-nost miteinander kombiniert.

- Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis*
- 20 *thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTA-Tase6-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AtHPT-ocst kloniert.

- 25 Dieses Plasmid (pSUN2-USPP-AtHPT-ocst/USPP-AtTATase6-nost Abbildung 32) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

- Fragment A (678Bp) in Abbildung 32 beinhaltet den Promotor des
- 30 "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment
- 35 E (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 45

- 40 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

45

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die 2-Me-
- 5 thyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nost und pCR4topoblunt-USPP-rbcS-RnTA-Tasel-nost miteinander kombiniert.
- Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Tyrosin-Aminotrans-
- 10 ferase aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnTATasel-nost als SrfI Fragment isoliert und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nost kloniert.
- 15 Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nost/USPP-rbcS-RnTA-Tasel-nost Abbildung 33) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

- Fragment A (2764Bp) in Abbildung 33 beinhaltet den Promotor des
- 20 LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopal-
- 25 lin-Synthase-Gens. Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment F (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (*rbcS*) aus *Vicia faba*. Fragment G (1365Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Frag-
- 30 ment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus *A.tumefaciens*.

#### Beispiel 46

- Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-
- 35 transferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2-Me-thyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors
- 40 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und 2-Me-
- thyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp.
- 45 PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren

pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT als Sma1/EcoR1 Fragment isoliert, das EcoR1 Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit Srf1 verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT kloniert.

10

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT/USPP-AtTATase1-nosT Abbildung 34) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

15 Fragment A (2764Bp) in Abbildung 34 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803.

20 Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopal-Synthase-Gens. Fragment E ( 678Bp) beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment F (1269Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopal-Synthase Gens.

#### Beispiel 47

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren

40 pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT als Sma1/EcoR1 Fragment isoliert, das EcoR1 Ende wird

mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT /USPP-AtTATase3-nosT 5 Abbildung 35) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 35 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das 10 Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment E ( 678Bp) beinhaltet den Promotor des 15 "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment F (1334Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

#### 20 Beispiel 48

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. 25 PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen 30 Promotors exprimieren, und die 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT miteinander kombiniert.

#### 35

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit 40 dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT/USPP-AtTATase5-nosT 45 Abbildung 36) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 36 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment E ( 678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment F (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens

#### Beispiel 49

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT/USPP-AtTATase6-nosT Abbildung 37) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 37 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment F (1243 Bp)

kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### 5 Beispiel 50

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT und pCR4topoblunt-USPP-rbcS-RnTATasel-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnTATasel-nosT als SrfI Fragment isoliert und in den mit EcoRI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT kloniert, dessen EcoRI Enden ebenfalls aufgefüllt werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT/USPP-rbcS-RnTATasel-nosT Abbildung 38) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 38 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastoquinol Zyklase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment E ( 678Bp) beinhaltet den Promotor des Unknown-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment F (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (*rbcS*) aus *Vicia faba*. Fragment G (1365Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Fragment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens aus *A.tumefaciens*.

#### Beispiel 51

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochi-

nol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
 5 gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-1  
 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen  
 Promotors exprimieren, und 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zy-  
 klase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen expremie-  
 ren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT und  
 10 pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend  
 aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1-Gen aus *Arabidopsis*  
*thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTA-  
 15 Tase1-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit  
 dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoRI verdauten Vektor  
 pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT kloniert, dessen EcoRI Enden mit dem  
 Klenow Enzym aufgefüllt werden.

20 Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT/USPP-AtTATase1-nosT  
 Abbildung 39) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflan-  
 zen verwendet

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 39 beinhaltet den Promotor des  
 25 LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das  
 Transitpeptid der *A. thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isome-  
 rase-2. Fragment C (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phy-  
 tylplastochinol Zyklase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Frag-  
 ment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-  
 30 Synthase- Gens. Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des  
 Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment F  
 (1269Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Ara-  
 bidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminati-  
 onssignal des Nopalin-Synthase Gens.

35

#### Beispiel 52

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-  
 transferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines sa-  
 mensspezifischen Promotors und der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochi-  
 40 nol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines  
 samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
 gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3  
 45 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen  
 Promotors exprimieren, und die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-  
 Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen expremie-

ren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend  
5 aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase3-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoRI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT kloniert, dessen EcoRI Enden ebenfalls  
10 aufgefüllt werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT/USPP-AtTATase3-nosT Abbildung 40) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

15

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 40 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phy-  
20 tylplastoquinol Zyklase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment F (1334Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Ara-*  
25 *bidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

### Beispiel 53

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-  
30 transferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastocho-  
nol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

35 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastocho-  
nol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen expremie-  
40 ren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis*  
45 *thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoRI verdauten Vektor

pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT kloniert, dessen EcoR1 Enden ebenfalls aufgefüllt werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT /USPP-AtTATase5-nosT  
5 Abbildung 41) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 41 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das  
10 Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastoquinol Zyklase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des  
15 "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment F (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

#### 20 Beispiel 54

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastoquinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 unter Kontrolle eines  
25 samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen  
30 Promotors exprimieren, und die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastoquinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp. PCC6803 samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT und pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT miteinander kombiniert.

35 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT als SmaI/EcoR1 Fragment isoliert, das EcoR1 Ende wird mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit EcoR1 verdauten  
40 Vektor pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT kloniert, dessen EcoR1 Enden ebenfalls aufgefüllt werden.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT/USPP-AtTATase6-nosT  
Abbildung 42) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen  
45 verwendet:

Fragment A (2764Bp) in Abbildung 42 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A. thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phytolplastoquinol Zyklase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase-Gens. Fragment E (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknown-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment F (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase-Gens.

#### Beispiel 55

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-SBPP-AtyTMT-35sT und pCR4topoblunt-USPP-rbcS-RnTATasel-nosT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-rbcS-RnTATasel-nosT als SrfI Fragment isoliert und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-AtyTMT-35sT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-SBPP-AtyTMT-35sT/USPP-rbcS-RnTATasel-nosT Abbildung 43) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (678Bp) in Abbildung 43 beinhaltet den Promotor des Unknown-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der Ribulose-Bisphosphat-Carboxylase (*rbcS*) aus *Vicia faba*. Fragment C (1365Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Fragment D (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase Gens aus *A. tumefaciens*. Fragment E (1788Bp) beinhaltet den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment F (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment G (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohlmosaikvirus.

**Beispiel 56**

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase 1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der  $\gamma$ -Tocopherol Methyltransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die  $\gamma$ -Tocopherol Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT und pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT miteinander kombiniert.

15

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-1-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase1-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2LeB4-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT/USPP-AtTATase1-nosT Abbildung 44) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (678Bp) in Abbildung 44 beinhaltet den Promotor des Unknow-Seed-Protein-Gens (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1269Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 1 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (1788Bp) beinhaltet den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment F (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohl-mosaikvirus.

**Beispiel 57**

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Amino-transferase 3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-3 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus

*Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-SBPP-AtγTMT-35sT und pSUN2-USPP-AtTATase3-nost miteinander kombiniert.

- 5 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-3-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase3-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor
- 10 pSUN2-SBPP-AtγTMT-35sT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-SBPP-AtγTMT-35sT/USPP-AtTATase3-nost Abbildung 45) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

- 15 Fragment A(678Bp) in Abbildung 45 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" (USPP) aus *Vicia faba*, Fragment B (1334Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 3 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (1788Bp) beinhaltet den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1047Bp) kodiert für das γ-Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment F (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohl-mosaikvirus.
- 20

- 25 Beispiel 58
- Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 5 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der γ-Tocopherol-Methyltransferase
- 30 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-5
- 35 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die γ-Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-SBPP-AtγTMT-35sT und pSUN2-USPP-AtTATase5-nost miteinander kombiniert.

- 40 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-5-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase5-nost als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit
- 45 dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-AtγTMT-35sT kloniert..

Dieses Plasmid (pSUN2-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT /USPP-AtTATase5-nosT Abbildung 46) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet

- 5 Fragment A (678Bp) in Abbildung 46 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1389Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 5 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens. Fragment D (1788Bp) beinhaltet
- 10 den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment F (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohl-mosaikvirus.

#### 15 Beispiel 59

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin Aminotransferase 6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen

#### 20 Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase-6 aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus

- 25 *Arabidopsis thaliana* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT und pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT miteinander kombiniert.

- 30 Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Tyrosin-Aminotransferase-6-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pSUN2-USPP-AtTATase6-nosT als SmaI/EcoRI Fragment isoliert, das EcoRI Ende mit dem Klenow Enzym aufgefüllt und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT kloniert.

#### 35

Dieses Plasmid (pSUN2-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT/USPP-AtTATase6-nosT Abbildung 47) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

- 40 Fragment A (678Bp) in Abbildung 47 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1243 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen 6 aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens. Fragment D (1788Bp) beinhaltet
- 45 den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis*

*thaliana*, Fragment F (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohl-mosaikvirus.

#### Beispiel 60

- 5 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus*

10

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression der  
15 endogenen Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, werden die Vektoren pCR4topoblunt-LeB4-NtGGPPOR-nosT (s.u.) und pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT miteinander kombiniert.

- 20 Mittels PCR wird die Expressionkassette bestehend aus: LeB4-Promotor, Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* und nos-Terminationssequenz, unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (LeB4-SRF1 5': SEQ. ID. No. 54) und eines antisense spezifischen Primers (nosT-SRF1 3' SEQ. ID. No.  
25 53), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert.

Das resultierende Plasmid ist pCR4topoblunt-LeB4-NtGGPPOR-nosT  
Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

- 30 Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 1 $\mu$ l einer puc19-LeB4-NtGGPPOR-nosT Plasmid-DNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 35 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin
- 40pmol LeB4-Srf1 5'Primer
- 40pmol nosT-Srf1 3'Primer
- 5 $\mu$ l 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)

- 40 Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)

- 45 Schritt 4: 10 Minuten 68°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das DNA Fragment kodierend für die Expressionskassette bestehend aus: LeB4-Promotor, Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* und nos-Terminator wird aus dem Plasmid pCR4topoblunt-LeB4-NtGGPPOR-nosT als SrfI Fragment isoliert und in den mit EcoRI verdauten pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT kloniert.

- 10 Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT/LeB4-NtGGPPOR-nosT Abbildung 48) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 48 beinhaltet den Promotor des  
15 Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) für das 2 Intron (IV2) des ST-LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp)  
20 kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens.

Fragment F (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment G (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* Fragment H (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-  
25 Synthase-Gens

#### Beispiel 61

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines  
30 samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus*.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
35 gener *Brassica napus* Pflanzen, die die Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, werden die Vektoren pCR4topoblunt-USPP-  
40 AtHPPD-ocsT (s.u.) und pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT miteinander kombiniert.

Mittels PCR wird die Expressionskassette bestehend aus: USP-Promotor, Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana*  
45 und ocs-Terminationssequenz-1, unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (USPP-SRF1-5': SEQ. ID. No. 52) und eines antisense spezifischen Primers (ocsT-SRF1-3': SEQ. ID. No. 55), am-

plifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert. Das resultierende Plasmid ist pCR4topoblunt-USPP-AthHPPD-ocsT.

5 Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 1µl einer pSUN2-USPP-AthHPPD-ocsT Plasmid-DNA
- 10 - 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol USPP-SRF1 5'Primer
- 40pmol ocsT-SRF1 3'Primer
- 5µl 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 15 - 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

20 Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)

Schritt 4: 10 Minuten 68°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

25 Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-AthHPPD-ocsT als Srf1 Fragment isoliert und in den mit EcoR5 verdauten Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1-α\*BnHGD-ocsT kloniert.

30

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1-α\*BnHGD-ocsT/USPP-AthHPPD-ocsT Abbildung 49) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

35 Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 49 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) für das 2 Intron (IV2) des ST-LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B

40 jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens.

Fragment F (678Bp) kodiert beinhaltet den Promotor des "Unknown-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment G (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis*

45 *thaliana*. Fragment H (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase.

## Beispiel 62

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure Dioxygenase Gens aus *Brassica napus*

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen Homogentisinsäure Dioxygenase Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, werden die Vektoren pCR4topoblunt-USPP-AthPT-ocsT (siehe nachstehend) und pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT miteinander kombiniert.

Mittels PCR wird die Expressionkassette bestehend aus: USP-Promotor, der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationssequenz, unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (USPP-SRF1-5' SEQ. ID. No. 52) und eines antisense spezifischen Primers (ocsT-SRF1-3' SEQ. ID. No. 55), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert.

Das resultierende Plasmid ist pCR4topoblunt-USPP-AthPT-ocsT. Die PCR Bedingungen waren die folgenden:  
Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 30 - 1 $\mu$ l einer pSUN2-USPP-AthPT-ocsT Plasmid-DNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin
- 40pmol USPP-SRF1 5'Primer
- 40pmol ocsT-SRF1 3'Primer
- 35 - 5 $\mu$ l 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)

Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

- Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
- 40 Schritt 2: 3 Sekunden 94°C
- Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)
- Schritt 4: 10 Minuten 68°C (Elongation)
- 30 Wiederholungen der Schritte 2-4
- Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)
- 45

## 103

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationssequenz-1 wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-AthPT-ocsT als SrfI Fragment isoliert und in den mit EcoR5 verdauten Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT/USPP-AthPT-ocsT Abbildung 50) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

10

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 50 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des ST-

15 LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens. Fragment F (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment G (1182Bp) kodiert für das  
20 Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment H (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens.

## Beispiel 63

25 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus*

30

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors expri-

35 mieren, und die Expression der endogenen Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, werden die Vektoren pCR4topoblunt-LeB4-IPP-SynMtl-nosT (s.u.) und pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT miteinander kombiniert.

40 Mittels PCR wird die Expressionkassette bestehend aus: LeB4-Promotor, die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2), der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 und nos-Terminationssequenz, unter Ver-  
45 wendung eines sense spezifischen Primers (LeB4-SRF1-5': SEQ. ID. No. 54) und eines antisense spezifischen Primers (nosT-SRF1-3': SEQ. ID. No. 53), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt

## 104

(Invitrogene) kloniert. Das resultierende Plasmid ist pCR4topo-blunt-LeB4-IPP-SynMT1-nosT.

Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

5 Die PCR erfolgte in einem 50µl Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 1µl einer pSUN2-LeB4-IPP-SynMT1-nosT Plasmid-DNA
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 10 - 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5µg Rinderserum-Albumin
- 40pmol LeB4-SRF1 5'Primer
- 40pmol nosT-SRF1 3'Primer
- 5µl 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)

15 Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94° (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°

Schritt 3: 1 Minute 55° (Annealing)

20 Schritt 4: 10 Minuten 68° (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72° (Post-Elongation)

25 Das DNA Fragment bestehend aus LeB4-Promotor, die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2), der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 und nos-terminationsequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPO-blunt/LeB4-IPP-SynMT1-nosT als Srf1 Fragment isoliert und in den

30 mit EcoR5 verdauten Vektor pSUN2-ic-\*nHGD-STLS1-α\*nHGD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*nHGD-STLS1-α\*nHGD-ocsT/USPP-LeB4-IPP-SynMT1-nosT Abbildung 51) wird zur Erzeugung transgener *Brassica*

35 *napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 51 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein

40 Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des STLS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens. Fragment F (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens

45 aus *Vicia faba*, Fragment G (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment H (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltrans-

ferase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment I (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase-Gens.

#### Beispiel 64

- 5 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* spec PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure Dioxygenase Gens aus *Brassica napus*
- 10 Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* spec PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Expression
- 15 der endogenen Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezifisch unterdrücken, werden die Vektoren pCR4topoblunt-LeB4-IPP-SynCyc-nosT (s.u.) und pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst miteinander kombiniert.
- 20 Mittels PCR wird die Expressionkassette bestehend aus: LeB4-Promotor, die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *Arabidopsis thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2), der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* spec PC6808 und nos-Terminationssequenz, unter
- 25 Verwendung eines sense spezifischen Primers (LeB4-EcoR5-5': SEQ. ID. No. 56) und eines antisense spezifischen Primers (nosT-EcoR5-3': SEQ. ID. No. 57), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert. Das resultierende Plasmid ist pCR4topoblunt-LeB4-IPP-SynMt1-nosT
- 30 Die PCR Bedingungen waren die folgenden:  
Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:
- 35 - 1 $\mu$ l einer pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nosT Plasmid-DNA  
- 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP  
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>  
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin  
- 40pmol LeB4-EcoR5 5'Primer  
- 40pmol nosT-EcoR5 3'Primer
- 40 - 5 $\mu$ l 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)  
- 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)  
Die PCR wurde unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:
- Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)
- 45 Schritt 2: 3 Sekunden 94°C  
Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)  
Schritt 4: 10 Minuten 68°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

Das DNA Fragment bestehend aus LeB4-Promotor, die Sequenz kodier-  
 5 end für das Transitpeptid der *Arabidopsis thaliana* plastiden-spe-  
 zifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) , der  
 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis* sp.  
 PCC6803 und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TO-  
 POblunt/LeB-IPP-SynCyc-nosT als EcoR5 Fragment isoliert und in  
 10 den mit EcoR5 verdauten Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-  
 ocst kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst/LeB-IPP-Syn-  
 Cyc-nosT Abbildung 52) wird zur Erzeugung transgener *Brassica na-*  
 15 *pus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 52 beinhaltet den Promotor des  
 Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein-  
 en Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica*  
 20 *napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des ST-  
 LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit  
 Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment  
 E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal des Octopin Gens.  
 Fragment F (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens  
 25 aus *Vicia faba*, Fragment G (235Bp) kodiert für das Transitpeptid  
 der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment H  
 (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastoquinol Zy-  
 klase Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803. Fragment I (272Bp) ko-  
 diert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

30

#### Beispiel 65

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der  $\gamma$ -Tocopherol Me-  
 thyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines  
 samenspezifischen Promotors und zur samenspezifischen Unterdrück-  
 35 kung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus  
*Brassica napus*.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
 gener *Brassica napus* Pflanzen, die die  $\gamma$ -Tocopherol Methyltrans-  
 40 ferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezi-  
 fischen Promotors exprimieren, und die Expression der endogenen  
 Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens aus *Brassica napus* samenspezi-  
 fisch unterdrücken, werden die Vektoren pCR4topoblunt-SBPP-  
 $\gamma$ TMT-35sT (s.u.) und pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst mitein-  
 45 ander kombiniert.

Mittels PCR wird die Expressionkassette bestehend aus: LeB4-Promotor, die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2), der  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* und nos-Terminationssequenz, unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (SBPP-SRF1-5': SEQ. ID. No. 58) und eines antisense spezifischen Primers (nosT-SRF1-3' SEQ. ID. No. 53), amplifiziert und in den Vektor pCR4topoblunt (Invitrogene) kloniert. Das resultierende Plasmid ist pCR4topoblunt-SBPP- $\gamma$ TMT-35sT.

10 Die PCR Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR erfolgte in einem 50 $\mu$ l Reaktionsansatz in dem enthalten war:

- 1 $\mu$ l einer pSUN2-SBPP- $\gamma$ TMT-35sT Plasmid-DNA
- 15 - 0,2 mM dATP, dTTP, dGTP, dCTP
- 1,5 mM Mg(OAc)<sub>2</sub>
- 5 $\mu$ g Rinderserum-Albumin
- 40pmol SBPP-SRF1 5'Primer
- 40pmol 35sT-SRF1 3'Primer
- 5 $\mu$ l 10x PfuI DNA Polymerase Puffer (Stratagene)
- 20 - 5U PfuI DNA Polymerase (Stratagene)

Die PCR wird unter folgenden Zyklus Bedingungen durchgeführt:

Schritt 1: 5 Minuten 94°C (Denaturierung)

Schritt 2: 3 Sekunden 94°C

25 Schritt 3: 1 Minute 55°C (Annealing)

Schritt 4: 10 Minuten 68°C (Elongation)

30 Wiederholungen der Schritte 2-4

Schritt 5: 10 Minuten 72°C (Post-Elongation)

30 Das DNA Fragment bestehend aus LeB4-Promotor, die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2), der  $\gamma$ -Tocopherol Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* und nos- Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/SBPP- $\gamma$ TMT-35sT als Srf1

35 Fragment isoliert und in den mit EcoR5 verdauten Vektor pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT/SBPP- $\gamma$ TMT-35sT Abbildung 53) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (2559 Bp) in Abbildung 53 beinhaltet den Promotor des Vicilin-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (580 Bp) kodiert für ein Fragment des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gen aus *Brassica napus*. Fragment C (190Bp) kodiert für das 2 Intron (IV2) des ST-

LS1 Gens aus *Solanum tuberosum*. Fragment D ist identisch mit Fragment B jedoch im Vektor gegenläufig zu B orientiert. Fragment E (208Bp) kodiert für das Terminationssignal-2 des Octopin Gens. Fragment F (1788Bp) beinhaltet den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment G (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment H (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohlmosaikvirus.

#### Beispiel 66

- 10 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

15

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-NtGGPPOR-nost und pCR4topoblunt-USPP-AthHPPD-ocst miteinander kombiniert.

- 25 Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-AthHPPD-ocst als SrfI Fragment isoliert und in den mit SmaI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost kloniert.

- 30 Dieses Plasmid (pSUN2LeB4-NtGGPPORnost/USPP-AthHPPD-ocst Abbildung 54) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

- Fragment A (678Bp) in Abbildung 54 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment C (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase-Gen aus *Nicotiana tabacum* Fragment F (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 67

- 45 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranylpyro-

phosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, und die Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost und pCR4topoblunt-USPP-AtHPT-ocsT miteinander kombiniert.

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* und ocs Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-AtHPT-ocsT als SrfI Fragment isoliert und in den mit SmaI verdauten Vektor pSUN2-LeB-NtGGPPOR-nost kloniert.

Dieses Plasmid (pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost/USPP-AtHPT-ocsT Abbildung 55) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (678Bp) in Abbildung 55 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment C (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreductase-Gen aus *Nicotiana tabacum* Fragment F (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens.

#### Beispiel 68

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors, der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und  $\gamma$ -Tocopherol Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana*

unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-SBPP-AtyTMT35ST und pCR4topoblunt-LeB4-IPP-SynMT1-nosT und pCR4topoblunt-USPP-AthHPPDocst miteinander kombiniert.

5

Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationssequenz-1 wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-AthHPPD-ocsT als SrfI Fragment isoliert und in den mit SrfI verdauten Vektor  
 10 pSUN2-SBPP-AtyTMT 35ST kloniert, der zuvor ebenfalls mit dem Restriktionsenzym SrfI verdaut wird. In das entstandene Plasmid pSUN2-SBPP-AtyTMT-35sT/USPP-AthHPPD-ocsT, wird das DNA Fragment bestehend aus LeB-Promotor, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec*  
 15 PC6808 und nos-Terminationssequenz aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/LeB-SynMT1-nosT als SrfI Fragment isoliert und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-AtyTMT35sT/USPP-AthHPPD-ocsT kloniert, nachdem die XhoI Enden aufgefüllt wurden.

20 Dieses Plasmid pSUN2-SBPP-AtyTMT35sT/USPP-AthHPPD-ocsT/LeB-SynMT1-nosT Abbildung 56) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

Fragment A (1788Bp) in Abbildung 56 beinhaltet den Promotor des  
 25 SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment C (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohlmosaikvirus. Fragment D (678Bp) beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1338Bp) kodiert für das  
 30 Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopine-Synthase Gens. Fragment G (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment H (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A. thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment I (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis sp.* PCC6803.  
 35 Fragment J (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalins-Synthase-Gens.

40 Beispiel 69

Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors, der 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec*  
 45 PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Hydroxyphenylpyruvate Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, 2-Methyl-6-Phytylhydroquinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors werden und pSUN2-USPP-AthHPPDocst und der Vektor pCR4topoblunt-LeB4-IPP-SynMT1-nost miteinander kombiniert.

- 10 Das DNA Fragment bestehend aus LeB-Promotor, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4TOPO-blunt/LeB-SynMT1-nost als SrfI Fragment isoliert und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-USPP-AthHPPD-ocst kloniert, dessen
- 15 XhoI Enden aufgefüllt werden.

Dieses Plasmid pSUN2-USPP-AthHPPD-ocst/LeB-SynMT1-nost Abbildung 57) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet:

- 20 Fragment A (678Bp) in Abbildung 57 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und Fragment C (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A. thaliana* Isopentenylpyrophosphat-Isomerase-2. Fragment F (957Bp) kodiert für das
- 25 2-Methyl-6-Phytylhydrochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis sp.* PCC6803. Fragment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase-Gens.
- 30

#### Beispiel 70

- Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Geranylgeranyl-pyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und der Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.
- 35
- 40

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Hydroxyphenylpyruvate Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, die Geranylgeranyl-pyrophosphate-Oxidoreductase aus *Nicotiana tabacum* samenspezifischen exprimieren, und Homogentisinsäure-Phytyltransferase aus *Arabidop-*
- 45

sis thaliana samenspezifischen exprimieren, werden die Vektoren pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost/USPP-AthPT-ocsT und pCR4topoblunt-USPP-AthPPD-ocsT miteinander kombiniert.

- 5 Das DNA Fragment bestehend aus USP-Promotor, Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationssequenz-1 wird aus dem Plasmid pCR4TOPOblunt/USPP-AthPPD-ocsT als SrfI Fragment isoliert und in den mit XhoI verdauten Vektor pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost/USPP-AthPT-ocsT kloniert, nachdem die
- 10 XhoI Enden zuvor mit der Klenow Polymerase geglättet werden. Dieses Plasmid (pSUN2LeB4-NtGGPPORnost/USPP-AthPPD-ocsT/USPP-AthPT-ocsT Abbildung 58) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.
- 15 Fragment A (678Bp) in Abbildung 58 beinhaltet den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment B (1338Bp) kodiert für das Hydroxyphenylpyruvate-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment C (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens. Fragment D (678Bp) beinhaltet
- 20 den Promotor des "Unknow-Seed-Protein-Gens" aus *Vicia faba*, Fragment E (1182Bp) kodiert für das Homogentisinsäure-Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*. Fragment F (713Bp) kodiert für das Terminationssignal-1 des Octopin-Synthase Gens. Fragment G (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia*
- 25 *faba*, Fragment H (1509Bp) kodiert für das Geranylgeranylpyrophosphate-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum* Fragment I (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalin-Synthase-Gens:
- 30 Beispiel 71
- Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors, der 2-Methyl-6-Phytylhydroquinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec*
- 35 PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

- Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-
- 40 gener *Brassica napus* Pflanzen, die die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase aus *Synechocystis spec* PC6808 unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors expri-
  - 45 mieren und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase aus *Arabidopsis thaliana* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren,

werden die Konstrukte pSUN2-SBPP-AtyTMT35ST/USPP-AthHPPD-ocsT/LeB-SynMT1-nosT und pCR4topoblunt/LeB-IPP-SynCyc-nosT verwendet.

Das DNA Fragment bestehend aus LeB-Promotor, 2,3-Dimethyl-5-Phy-  
 5 tylplastochinol-Zyklase aus *Synechocystis spec* PC6808 und nos-Terminationssequenz wird aus dem Plasmid pCR4topoblunt/LeB-IPP-SynCyc-nosT als EcoR5 Fragment isoliert und in den mit SrfI verdauten Vektor pSUN2-SBPP-AtyTMT-35ST/USPP-AthHPPD-ocsT/LeB-SynMT1-nosT kloniert, der zuvor mit dem Restriktionsenzym SrfI  
 10 verdaut wird. Dadurch wird die Expressionkassette bestehend aus USP-Promotor, Hydroxyphenylpyruvat-Dehydrogenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana* und ocs-Terminationsequenz gegen die Expressionkassette bestehend aus LeB-Promotor, die 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol- Zyklase-Genaus *Synechocystis spec* PC6808 und nos-  
 15 Terminationsequenz, ausgetauscht.

Dieses Plasmid pSUN2-SBPP-AtyTMT35sT/LeB-IPP-SynCyc-nosT/LeB-IPP-SynMT1-nosT (Abbildung 59) wird zur Erzeugung transgener *Brassica napus* Pflanzen verwendet.

20 Fragment A (1788Bp) in Abbildung 59 beinhaltet den Promotor des SBP-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (1047Bp) kodiert für das  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Fragment C (291Bp) kodiert für den 35S-Terminator des Blumenkohlmosaikvi-  
 25 rus. Fragment D (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment E (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment F (1100Bp) kodiert für das 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastoquinol Zyklase Gen aus *Synechocystis sp.* PCC6803. Frag-  
 30 ment G (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase-Gens. Fragment H (2764Bp) beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment I (235Bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment J (957Bp) kodiert für das 2-Methyl-6-Phytylhy-  
 35 drochinol Methyltransferase Gen aus *Synechocystis sp.* PCC6803. Fragment K (272Bp) kodiert für das Terminationssignal des Nopalinsynthase-Gens.

#### Beispiel 72

40 Erzeugung von DNA Konstrukten zur Expression der Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors.

Zur Herstellung von chimären DNA Konstrukten zur Erzeugung trans-  
 45 gener *A.thaliana*, *Nicotiana tabacum* bzw. *B.napus* Pflanzen, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* (Seq. ID. No. 1) unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors exprimieren,

wurde ein Derivat des Vektors pGPTVkan (D.Becker, E. Kemper, J. Schell, R. Masterson. *Plant Molecular Biology* 20: 1195-1197, 1992) verwendet.

- 5 Dieser Vektor wurde so verändert, dass er den samenspezifischen Promotor des Legumin B4 Gens (Kafatos et al., *Nuc. Acid. Res.*, 14(6):2707-2720, 1986), die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) (Badur, unveröffentlicht) und das  
10 Terminationssignal der Nopalinsynthase aus *A.tumefaciens* (Depicker et al., *J. Mol. Appl. Genet.* 1, 561-73, 1982) enthält.

Das DNA Fragment kodierend für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus* wurde als EcoR5 Fragment in den pPTVkan-  
15 LeP-IPPTP11 kloniert, nachdem dieser mit dem Restriktionsenzym SalI verdaut und die Enden des linearisierten Plasmides mit dem Klenow Enzym in glatte Enden überführt wurden. Dadurch wurde eine Translationsfusion mit dem Transitpeptid der IPP-2 erzeugt und somit ein Import der Tyrosin-Aminotransferase in die Plastiden  
20 gewährleistet. Dieses Plasmid pPTVkan-IPPTP11-TATaseRNnos (oder auch pPTVkan-LeB4-IPP-RnTATase-nosT bezeichnet, Abbildung 60) wurde zur Erzeugung transgener *Brassica Napus* bzw. *A. thaliana* Pflanzen verwendet.

- 25 Fragment A (2764 bp) in Abbildung 60 beinhaltet den Promotor des LeguminB4-Gens aus *Vicia faba*, Fragment B (207bp) kodiert für das Transitpeptid der *A.thaliana* Isopentenyl-pyrophosphat-Isomerase-2. Fragment C (1377 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*. Fragment D (272Bp) kodiert für  
30 das Terminationssignal des Nopalin-Synthase Gens.

#### Beispiel 73

- Herstellung von Expressionskassetten enthaltend das Tyrosin-Ami-  
35 notransferase-Gen aus *Rattus norvegicus*

Transgene *Nicotiana tabacum* und *Arabidopsis thaliana* Pflanzen wurden erzeugt, die die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* (Seq. ID. No. 1) unter Kontrolle des konstitutiven  
40 35S-Promotor des CaMV (Blumenkohlmosaikvirus) (Franck et al., *Cell* 21: 285-294, 1980) exprimieren.

- Die Grundlage des zur konstitutiven Expression der Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Rattus norvegicus* erzeugten Plasmides war der  
45 pBinAR-IPP-Tp-10 (Ralf Badur, Dissertation Universität Göttingen, 1998). Dieser Vektor ist ein Derivat des pBinAR (Höfgen und Willmitzer, *Plant Sci.* 66: 221-230, 1990) und enthält den 35S-

- Promotor des CaMV (Blumenkohlmosaikvirus) (Franck et al., 1980) das Terminations-signal des Octopin-Synthase Gens (Gielen et al., EMBO J. 3: 835-846, 1984) und die Sequenz kodierend für das Transitpeptid der *A.thaliana* plastiden-spezifischen Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) (Badur, unveröffentlicht). Die unter Berücksichtigung des korrekten Leserasters erfolgte Klonierung der Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus* in diesen Vektor, erzeugt eine Translationsfusion der Tyrosin-Aminotransferase mit dem plastidären Transitpeptid. Dadurch erfolgt ein
- 10 Transport des Transgens in die Plastiden.
- Zur Erstellung dieses Plasmides wurde das Tyrosin-Aminotransferase-Gen unter Verwendung der flankierenden EcoRV Restriktions-schnittstellen aus dem Plasmid pGEM-T/Tyrosin-Aminotransferase isoliert. Dieses Fragment wurde unter Anwendung von Standardmetho-
- 15 thoden in einen SmaI geschnittenen pBinAR-IPP-Tp-10 ligiert (siehe Abbildung 61) Dieses Plasmid pBinAR-IPP-Tp-10/Tyrosin-Aminotransferase (oder auch pBinAR-35sP-IPP-RnTATase-nosT bezeichnet) wurde zur Erzeugung transgener *Nicotiana tabacum* und *A.thaliana* Pflanzen verwendet.
- 20
- Fragment A (529 bp) in Abbildung 61 beinhaltet den 35S-Promotor des Blumenkohlmosaikvirus (Nukleotide 6909 bis 7437 des Blumenkohlmosaikvirus), Fragment B (207bp) kodiert für das Transitpeptid der Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2, Fragment C (1377
- 25 Bp) kodiert für das Tyrosin-Aminotransferase-Gen-1 aus *Rattus norvegicus*, Fragment D (208Bp) kodiert für das Terminationssignal des Octopin-Synthase Gens.

#### Beispiel 74

#### 30 Herstellung transgener *Arabidopsis thaliana* Pflanzen

- Wildtyp *Arabidopsis thaliana* Pflanzen (Columbia) werden mit dem Agrobacterium tumefaciens Stamm (GV3101 [pMP90]) auf Grundlage einer modifizierten Vacuuminfiltrationsmethode transformiert
- 35 (Steve Clough und Andrew Bent. Floral dip: a simplified method for Agrobacterium mediated transformation of *A.thaliana*. Plant J 16(6):735-43, 1998; der Bechtold, N. Ellis, J. und Pelltier, G., in: Planta Agrobacterium-mediated gene transfer by infiltration of adult *Arabidopsis thaliana* plants. CRAcad Sci Paris, 1993,
- 40 1144(2):204-212). Die verwendeten *Agrobacterium tumefaciens* Zellen werden im Vorfeld mit den vorstehend beschriebenen DNA Konstrukten transformiert.

- Samen der Primärtransformanten werden auf Grundlage der Antibiotikaresistenz selektioniert. Antibiotika resistente Keimlinge
- 45

wurden in Erde gepflanzt und als vollentwickelte Pflanzen zur biochemischen Analyse verwendet.

#### Beispiel 75

##### 5 Herstellung transgener *Nicotiana tabacum* Pflanzen.

Zehn ml YEB-Medium mit Antibiotikum (5 g/l Rinder-Extrakt, 1 g/l Hefe-Extrakt, 5 g/l Pepton, 5 g/l Saccharose und 2 mM  $MgSO_4$ .) werden mit einer Kolonie von *Agrobacterium tumefaciens* beimpft.

- 10 und über Nacht bei 28°C kultiviert. Die Zellen werden 20 min bei 4°C, 3500 U/min in einer Tischzentrifuge pelletiert und danach in frischem YEB-Medium ohne Antibiotika unter sterilen Bedingungen resuspendiert. Die Zellsuspension wird für die Transformation eingesetzt.

15

Die Wildtyp-Pflanzen aus Sterilkultur werden durch vegetative Replikation erhalten. Dazu wird nur die Spitze der Pflanze abgeschnitten und auf frisches 2MS-Medium in ein steriles Einweckglas überführt. Vom Rest der Pflanze werden die Haare auf der Blatto-

- 20 berseite und die Mittelrippen der Blätter entfernt. Die Blätter werden mit einer Rasierklinge in etwa 1cm<sup>2</sup> große Stücke geschnitten. Die Agrobakterienkultur wird in eine kleine Petrischale überführt (Durchmesser 2 cm). Die Blattstücke werden kurz durch diese Lösung gezogen und mit der Blattunterseite auf 2MS-Medium  
25 in Petrischalen (Durchmesser 9 cm) gelegt, so daß sie das Medium berühren. Nach zwei Tagen im Dunkeln bei 25°C werden die Explantate auf Platten mit Kallusinduktionsmedium überführt und in der Klimakammer auf 28°C temperiert. Das Medium muß alle 7-10 Tage gewechselt werden. Sobald sich Kalli bilden, wurden die Explantate  
30 in sterile Einweckgläser auf Sproßinduktionsmedium mit Claforan (0,6 % BiTec-Agar (g/v), 2,0 mg/l Zeatinribose, 0,02 mg/l Naphtyllessigsäure, 0,02 mg/l Gibberelinsäure, 0,25 g/ml Claforan, 1,6 % Glukose (g/v) und 50 mg/l Kanamycin) überführt. Nach etwa einem Monat tritt Organogenese ein und die gebildeten Sprosse können  
35 abgeschnitten werden. Die Kultivierung der Sprosse wird auf 2MS-Medium mit Claforan und Selektionsmarker durchgeführt.

Sobald sich ein kräftiger Wurzelballen bildet, können die Pflanzen in Pikiererde getopft werden.

40

#### Beispiel 76

##### Herstellung transgener *Brassica napus* Pflanzen.

Die Herstellung transgener Raps Pflanzen orientiert sich an einem  
45 Protokoll von Bade, J.B. und Damm, B. (in Gene Transfer to Plants, Potrykus, I. und Spangenberg, G., eds, Springer Lab Manual,

Springer Verlag, 1995, 30-38), in welchem auch die Zusammensetzung der verwendeten Medien und Puffer angegeben ist.

Die Transformationen erfolgt mit dem *Agrobacterium tumefaciens* Stamm GV3101 [pMP90]. Zur Transformation wird das DNA Konstrukt welches eine spezifische Expression in Samen vermittelt verwendet (Abbildung 60). Darüberhinaus werden Konstrukt welche eine spezifische Expression in Samen vermittelt verwendet, die in den Abbildungen 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 10 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59 beschrieben sind. Samen von *Brassica napus* var. Westar werden mit 70% Ethanol (v/v) oberflächensteril gemacht, 10 Minuten bei 55°C in Wasser gewaschen, in 1%iger Hypochlorit-Lösung (25% v/v Teepol, 0,1% v/v Tween 20) für 20 Minuten inkubiert und sechsmal mit sterilem Wasser für jeweils 20 Minuten gewaschen. Die Samen werden drei Tage auf Filterpapier getrocknet und 10-15 Samen in einem Glaskolben mit 15 ml Keimungsmedium zur Keimung gebracht. Von mehreren Keim- 20 lingen (ca. 10 cm groß) werden die Wurzeln und Apices entfernt und die verbleibenden Hypokotyle in ca. 6 mm lange Stücke geschnitten. Die so gewonnenen ca. 600 Explantate werden 30 Minuten mit 50 ml Basalmedium gewaschen und in einem 300 ml Kolben überführt. Nach Zugabe von 100 ml Kallusinduktionsmedium werden die 25 Kulturen für 24 Stunden bei 100 U/min inkubiert.

Vom *Agrobacterium* Stamm wird eine Übernachtskultur bei 29°C in Luria Broth-Medium mit Kanamycin (20mg/l) angesetzt, davon 2ml in 50 ml Luria Broth-Medium ohne Kanamycin für 4 Stunden bei 29°C bis 30 zu einer OD<sub>600</sub> von 0,4-0,5 inkubiert. Nach der Pelletierung der Kultur bei 2000 U/min für 25 min wird das Zellpellet in 25 ml Basalmedium resuspendiert. Die Konzentration der Bakterien in der Lösung wird durch Zugabe von weiterem Basalmedium auf eine OD<sub>600</sub> von 0,3 eingestellt.

35 Aus den Raps-Explanten wird das Kallus-Induktionsmedium mit sterilen Pipetten entfernt, 50 ml *Agrobacterium*-Lösung hinzugefügt, vorsichtig gemischt und für 20 min inkubiert. Die *Agrobacterien*-Suspension wird entfernt, die Raps-Explantate für 1 min mit 50 ml 40 Kallus-Induktionsmedium gewaschen und anschließend 100 ml Kallus-Induktionsmedium hinzugefügt. Die Co-Kultivierung wird für 24 h auf einem Rotationsschüttler bei 100 U/min durchgeführt. Die Co-Kultivierung wird durch Wegnahme des Kallus-Induktionsmediums gestoppt und die Explante zweimal für jeweils 1 min mit 25 ml und 45 zweimal für 60 min mit jeweils 100 ml Waschmedium bei 100 U/min

gewaschen. Das Waschmedium mit den Explanten wird in 15 cm Petrischalen überführt und das Medium mit sterilen Pipetten entfernt.

Zur Regeneration werden jeweils 20-30 Explante in 90 mm Petrischalen überführt, welche 25 ml Sproß-Induktionsmedium mit Kanamycin enthalten. Die Petrischalen werden mit 2 Lagen Leukopor verschlossen und bei 25 °C und 2000 lux bei Photoperioden von 16 Stunden Licht/ 8 Stunden Dunkelheit inkubiert. Alle 12 Tage werden die sich entwickelnden Kalli auf frische Petrischalen mit Sproß-Induktionsmedium umgesetzt. Alle weiteren Schritte zur Regeneration ganzer Pflanzen werden wie von Bade, J.B und Damm, B. (in: Gene Transfer to Plants, Potrykus, I. und Spangenberg, G., eds, Springer Lab Manual, Springer Verlag, 1995, 30-38) beschrieben durchgeführt.

15 Beispiel 77

a) Charakterisierung der transgenen *Arabidopsis thaliana* und *Nicotiana tabacum* Pflanzen.

Die Tocopherol- und Tocotrienol-Gehalte in Blätter und Samen der mit den beschriebenen Konstrukten transformierten Pflanzen (*Arabidopsis thaliana* und *Nicotiana tabacum*) werden analysiert. Dazu werden die transgenen Pflanzen im Gewächshaus kultiviert und Pflanzen die das Gen kodierend für die Tyrosin-Aminotransferase-1 aus *Rattus norvegicus* exprimieren auf Northern-Ebene analysiert. In Blättern und Samen dieser Pflanzen wird der Tocopherolgehalt und der Tocotrienolgehalt ermittelt.

Dazu wird das Blattmaterial von Pflanzen direkt nach der Probennahme in flüssigem Stickstoff tiefgefroren. Der daran anschließende Aufschluß der Zellen erfolgt mittels einer Rührapparatur durch dreimalige Inkubation im Eppendorfschüttler bei 30°C, 1000 rpm in 100 % Methanol für 15 Minuten, wobei die jeweils erhaltenen Überstände vereinigt wurden.

35 Weitere Inkubationsschritte ergaben keine weitere Freisetzung von Tocopherolen oder Tocotrienolen.

Um Oxidation zu vermeiden, wurden die erhaltenen Extrakte direkt nach der Extraktion mit Hilfe einer HPLC-Anlage (Waters Alliance 2690) analysiert. Tocopherole und Tocotrienole wurden über eine reverse Phase Säule (ProntoSil 200-3-C30<sup>(R)</sup>, Fa. Bischoff) mit einer mobilen Phase von 100 % Methanol getrennt und anhand von Standards (Fa. Merck) identifiziert. Als Detektionssystem diente die Fluoreszenz der Substanzen (Anregung 295 nm, Emission 320 nm) die mit Hilfe eines Jasco Fluoreszenzdetektors FP 920 nachgewiesen wurde.

In allen Fällen war die Tocopherol- und oder Tocotrienol-Konzentration in transgenen Pflanzen, im Vergleich zu nicht transformierten Pflanzen erhöht.

5 b) Charakterisierung der transgenen *Brassica napus* Pflanzen.

Um zu veranschaulichen, daß durch die Expression des Tyrosin-Aminotransferase-Gens aus *Rattus norvegicus*, Tyrosin-Aminotransferase-Gens 1 aus *Arabidopsis thaliana*, Tyrosin-Aminotransferase-  
10 Gens 3 aus *Arabidopsis thaliana*, Tyrosin-Aminotransferase-Gens 5 aus *Arabidopsis thaliana* oder Tyrosin-Aminotransferase-Gens 6 aus *Arabidopsis thaliana* alleine oder in Kombination mit zumindest einem weiteren Gen ausgewählt aus der Gruppe Hydroxyphenyl-Pyruvat-Dioxygenase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Homogentisinsäure-  
15 Phytyltransferase-Gen aus *Arabidopsis thaliana*, Geranylgeranylpyrophosphat-Oxidoreduktase-Gen aus *Nicotiana tabacum*, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Gen aus *Synechocystis* sp. PCC6803, 2,3-Dimethyl-5-Phytylplastochinol-Zyklase-Gen *Synechocystis* sp. PCC6803,  $\gamma$ -Tocopherol-methyltransferase-Gen aus  
20 *Arabidopsis thaliana* und der Unterdrückung der Expression des Homogentisinsäure-Dioxygenase-Gens, der Vitamin E-gehalt in Pflanzen erhöht wird, werden die Tocopherol- und Tocotrienol-Gehalte in den Samen der mit den beschriebenen Konstrukten transformierten Pflanzen (*Brassica napus*) analysiert.

25

Dazu werden die transgenen Pflanzen im Gewächshaus kultiviert und auf Northern-Ebene analysiert. In Samen dieser Pflanzen wird der Tocopherolgehalt und der Tocotrienolgehalt analog Beispiel 77 a) ermittelt.

30

Beispiel 78

Herstellung transgener *Arabidopsis thaliana* Pflanzen, die die Tyrosinaminotransferase überexprimieren

35 Wildtyp *Arabidopsis thaliana* Pflanzen (Columbia) wurden mit dem *Agrobacterium tumefaciens* Stamm (GV3101 [pMP90]) auf Grundlage einer modifizierten Vakuuminfiltrationsmethode transformiert (Steve Clough und Andrew Bent. Floral dip: a simplified method for *Agrobacterium* mediated transformation of *A.thaliana*. Plant J  
40 16(6):735-43, 1998; der Bechtold, N. Ellis, J. und Pelltier, G., in: Planta *Agrobacterium*-mediated gene transfer by infiltration of adult *Arabidopsis thaliana* plants. CRAcad Sci Paris, 1993, 1144(2):204-212).

45 Die verwendeten *Agrobacterium tumefaciens* Zellen waren im Vorfeld mit den Plasmiden pBinAR-35s-IPP-RnTatase-nost (Beispiel 73, Abbildung 61) und pPTVkan-LeB4-IPP-RnTATase-nost (Beispiel 72, Ab-

bildung 60) gemäß der von R. HÖFGEN und L. WILLMITZER (Plant Sci. 1990, 66, 221-230 und Nucleic Acids Res. 1988, Oct 25, 16(20), 9877) beschriebenen Methode transformiert worden.

- 5 Samen der Primärtransformanten wurden auf Grundlage der Antibiotikaresistenz selektioniert. Antibiotika resistente Keimlinge wurden in Erde gepflanzt und als vollentwickelte Pflanzen zur biochemischen Analyse verwendet.

#### 10 Beispiel 79

Herstellung transgener *Brassica napus* Pflanzen, die die Tyrosinaminotransferase überexprimieren

- Die Herstellung transgener Raps Pflanzen orientierte sich an  
15 einem Protokoll von Bade, J.B. und Damm, B. (in Gene Transfer to Plants, Potrykus, I. und Spangenberg, G., eds, Springer Lab Manual, Springer Verlag, 1995, 30-38), in welchem auch die Zusammensetzung der verwendeten Medien und Puffer angegeben ist.

- 20 Die Transformationen erfolgten mit dem *Agrobacterium tumefaciens* Stamm GV3101 [pMP90]. Die verwendeten *Agrobacterium tumefaciens* Zellen waren im Vorfeld mit dem Plasmid pPTVkan-LeB4-IPP-RnTA-Tase-nost (Beispiel 72, Abbildung 60) gemäß der von R. HÖFGEN und L. WILLMITZER (Plant Sci. 1990, 66, 221-230 und Nucleic Acids  
25 Res. 1988, Oct 25, 16(20), 9877) beschriebenen Methode transformiert worden.

- Samen von *Brassica napus* var. Westar wurden mit 70% Ethanol (v/v) oberflächensteril gemacht, 10 Minuten bei 55°C in Wasser ge-  
30 waschen, in 1%iger Hypochlorit-Lösung (25 % v/v Teepol, 0,1 % v/v Tween 20) für 20 Minuten inkubiert und sechsmal mit sterilem Wasser für jeweils 20 Minuten gewaschen. Die Samen wurden drei Tage auf Filterpapier getrocknet und 10-15 Samen in einem Glaskolben mit 15 ml Keimungsmedium zur Keimung gebracht. Von  
35 mehreren Keimlingen (ca. 10 cm groß) wurden die Wurzeln und Apices entfernt und die verbleibenden Hypokotyle in ca. 6 mm lange Stücke geschnitten. Die so gewonnenen ca. 600 Explantate wurden 30 Minuten mit 50 ml Basalmedium gewaschen und in einem 300 ml Kolben überführt. Nach Zugabe von 100 ml Kallusinduktions-  
40 medium wurden die Kulturen für 24 Stunden bei 100 U/min inkubiert.

- Vom *Agrobacterium* Stamm wurde eine Übernachtskultur bei 29°C in Luria Broth-Medium mit Kanamycin (20mg/l) angesetzt, davon 2ml in  
45 50 ml Luria Broth-Medium ohne Kanamycin für 4 Stunden bei 29°C bis zu einer OD<sub>600</sub> von 0,4-0,5 inkubiert. Nach der Pelletierung der Kultur bei 2000 U/min für 25 min wurde das Zellpellet in 25 ml

## 121

Basalmedium resuspendiert. Die Konzentration der Bakterien in der Lösung wurde durch Zugabe von weiterem Basalmedium auf eine OD<sub>600</sub> von 0,3 eingestellt.

- 5 Aus den Raps-Explanten wurde das Kallus-Induktionsmedium mit sterilen Pipetten entfernt, 50 ml Agrobakterium-Lösung hinzugefügt, vorsichtig gemischt und für 20 min inkubiert. Die Agrobakterien-Suspension wurde entfernt, die Raps-Explantate für 1 min mit 50 ml Kallus-Induktionsmedium gewaschen und anschließend
- 10 100 ml Kallus-Induktionsmedium hinzugefügt. Die Co-Kultivierung wurde für 24 h auf einem Rotationsschüttler bei 100 U/min durchgeführt. Die Co-Kultivierung wurde durch Wegnahme des Kallus-Induktionsmediums gestoppt und die Explante zweimal für jeweils 1 min mit 25 ml und zweimal für 60 min mit jeweils 100 ml Wasch-
- 15 medium bei 100 U/min gewaschen. Das Waschmedium mit den Explanten wurde in 15 cm Petrischalen überführt und das Medium mit sterilen Pipetten entfernt.

- Zur Regeneration wurden jeweils 20 bis 30 Explante in 90 mm
- 20 Petrischalen überführt, welche 25 ml Sproß-Induktionsmedium mit Kanamycin enthielten. Die Petrischalen wurden mit 2 Lagen Leukopor verschlossen und bei 25°C und 2000 lux bei Photoperioden von 16 Stunden Licht/8 Stunden Dunkelheit inkubiert. Alle 12 Tage wurden die sich entwickelnden Kalli auf frische Petrischalen mit
- 25 Sproß-Induktionsmedium umgesetzt. Alle weiteren Schritte zur Regeneration ganzer Pflanzen wurden wie von Bade, J.B und Damm, B. (in: Gene Transfer to Plants, Potrykus, I. und Spangenberg, G., eds, Springer Lab Manual, Springer Verlag, 1995, 30-38) beschrieben durchgeführt.

30

## Beispiel 80

Herstellung transgener *Nicotiana tabacum* Pflanzen, die die Tyrosinaminotransferase überexprimieren

- 35 Zehn ml YEB-Medium mit Antibiotikum (5 g/l Rinder-Extrakt, 1 g/l Hefe-Extrakt, 5 g/l Pepton, 5 g/l Saccharose und 2 mM MgSO<sub>4</sub>.) wurden mit einer Kolonie von *Agrobacterium tumefaciens* beimpft und über Nacht bei 28°C kultiviert. Die Zellen wurden 20 min bei 4°C, 3500 U/min in einer Tischzentrifuge pelletiert und danach in
- 40 frischem YEB-Medium ohne Antibiotika unter sterilen Bedingungen resuspendiert. Die Zellsuspension wurde für die Transformation eingesetzt.

- Die verwendeten *Agrobacterium tumefaciens* Zellen waren im Vorfeld
- 45 mit dem Plasmid pBinAR-35s-IPP-RnTatase-nost (Beispiel 73, Abbildung 61) gemäß der von R. HÖFGEN und L. WILLMITZER (Plant Sci.

1990, 66, 221-230 und Nucleic Acids Res. 1988, Oct 25, 16(20), 9877) beschriebenen Methode transformiert worden.

Die Wildtyp-Pflanzen aus Sterilkultur wurden durch vegetative  
5 Replikation erhalten. Dazu wurde nur die Spitze der Pflanze  
abgeschnitten und auf frisches 2MS-Medium in ein steriles Ein-  
weckglas überführt. Vom Rest der Pflanze wurden die Haare auf der  
Blattoberseite und die Mittelrippen der Blätter entfernt. Die  
Blätter wurden mit einer Rasierklinge in etwa 1cm<sup>2</sup> große Stücke  
10 geschnitten. Die Agrobakterienkultur wurde in eine kleine Petri-  
schale überführt (Durchmesser 2 cm). Die Blattstücke wurden kurz  
durch diese Lösung gezogen und mit der Blattunterseite auf 2MS-  
Medium in Petrischalen (Durchmesser 9 cm) gelegt, so daß sie das  
Medium berührten.

15

Nach zwei Tagen im Dunkeln bei 25°C wurden die Explantate auf  
Platten mit Kallusinduktionsmedium überführt und in der Klima-  
kammer auf 28°C temperiert. Das Medium mußte alle 7 bis 10 Tage  
gewechselt werden. Sobald sich Kalli bildeten, wurden die  
20 Explantate in sterile Einweckgläser auf Sproßinduktionsmedium  
mit Claforan (0,6 % BiTec-Agar (g/v), 2,0 mg/l Zeatinribose,  
0,02 mg/l Naphthylelessigsäure, 0,02 mg/l Gibberelinsäure,  
0,25 g/ml Claforan, 1,6 % Glukose (g/v) und 50 mg/l Kanamycin)  
überführt. Nach etwa einem Monat trat Organogenese ein und die  
25 gebildeten Sprosse konnten abgeschnitten werden.

Die Kultivierung der Sprosse wurde auf 2MS-Medium mit Claforan  
und Selektionsmarker durchgeführt. Sobald sich ein kräftiger  
Wurzelballen gebildet hatte, konnten die Pflanzen in Pikiererde  
30 getopft werden.

#### Beispiel 81

Charakterisierung der transgenen Pflanzen aus Beispiel 78, 79 und  
80

35

Die Tocopherol- und Tocotrienol-Gehalte in Blätter und Samen der  
mit den beschriebenen Konstrukten transformierten Pflanzen aus  
Beispiel 78, 79 und 80 (*Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus* und  
*Nicotiana tabacum*) werden analysiert. Dazu wurden die transgenen  
40 Pflanzen im Gewächshaus kultiviert und Pflanzen die das Gen  
kodierend für die Tyrosin-Aminotransferase aus *Rattus norvegicus*  
exprimieren auf Northern-Ebene analysiert. In Blättern und Samen  
dieser Pflanzen wurde der Tocopherolgehalt und der Tocotrienolge-  
halt ermittelt.

45

Dazu wird das Blattmaterial von Pflanzen direkt nach der Probennahme in flüssigem Stickstoff tiefgefroren. Der daran anschließende Aufschluß der Zellen erfolgt mittels einer Rührapparatur durch dreimalige Inkubation im Eppendorfschüttler bei 5 30°C, 1000 rpm in 100 % Methanol für 15 Minuten, wobei die jeweils erhaltenen Überstände vereinigt wurden.

Weitere Inkubationsschritte ergaben keine weitere Freisetzung von Tocopherolen oder Tocotrienolen.

10

Um Oxidation zu vermeiden, wurden die erhaltenen Extrakte direkt nach der Extraktion mit Hilfe einer HPLC-Anlage (Waters Alliance 2690) analysiert. Tocopherole und Tocotrienole wurden über eine reverse Phase Säule (ProntoSil 200-3-C30<sup>(R)</sup>, Fa. Bischoff) mit einer mobilen Phase von 100 % Methanol getrennt und anhand von 15 Standards (Fa. Merck) identifiziert. Als Detektionssystem diente die Fluoreszenz der Substanzen (Anregung 295 nm, Emission 320 nm) die mit Hilfe eines Jasco Fluoreszenzdetektors FP 920 nachgewiesen wurde.

20

Tabelle 1 zeigt das Ergebnis der Überexpression der Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus* in 16 Linien (Linie 1 bis 24) der transgenen *Nicotiana tabacum*, hergestellt nach Beispiel 80 im Vergleich zum Wildtyp (WT, 4 Replikanten). Dargestellt in der 25 zweiten Spalte ist der Gehalt an Vitamin E (Gesamtgehalt = Summe aller 8 Isomere) in jungem Blattmaterial in [µg/gFW]. In der dritten Spalte ist der Tocotrienol-Anteil der jeweiligen Linie am Gesamtgehalt Vitamin E in [Gew.-%] angegeben.

30 Tabelle 1

|    | Linie transgener<br><i>Nicotiana tabacum</i> -<br>Pflanzen aus<br>Beispiel 80 | Gesamtgehalt Vitamin E<br>in [µg/gFW] | Anteil Tocotrienole<br>in [Gew.-%] bezogen<br>auf den Gesamtgehalt |
|----|---|---------------------------------------|--|
| 35 | 1   | 9,13                                  | 48,5   |
|    | 2   | 2,95                                  | 4,6  |
|    | 3   | 5,94                                  | 49,5   |
|    | 4   | 7,24                                  | 5,8  |
|    | 6   | 5,97                                  | 7,6  |
| 40 | 7   | 8,02                                  | 6,4  |
|    | 9   | 16,26                                 | 53,1   |
|    | 10  | 8,95                                  | 41,3   |
|    | 11  | 13,28                                 | 51,6   |
|    | 16  | 8,96                                  | 42,9   |
|    | 17  | 3,99                                  | 3,2  |
| 45 | 18  | 10,58                                 | 51,7   |
|    | 19  | 7,57                                  | 41,3   |
|    | 24  | 14,76                                 | 56,7   |
|    | WT n=4  | 5,4 +/- 0,5                           | 4,75 +/- 2,4   |

## 124

Abbildung 63 zeigt grafisch das Ergebnis der Überexpression der Tyrosinaminotransferase aus *Rattus norvegicus* in *Nicotiana tabacum* (Beispiel 80) im Vergleich zum Wildtyp. Dargestellt sind die Gehalte an Vitamin E (Summe aller 8 Isomere) in jungem 5 Blattmaterial. Die Achsenbeschriftung kennzeichnet die einzelnen transgenen Linien. Die dargestellten Werte bei den Wildtyp-pflanzen (wt) entsprechen dem Mittelwert +/- SD von 4 Replikaten.

10

15

20

25

30

35

40

45

## Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Vitamin E durch Kultivierung  
5 von Organismen die gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Tyrosinaminotransferase-Aktivität aufweisen.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß man zur Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität die Genexpression einer Nukleinsäure kodierend eine Tyrosinaminotransferase gegenüber dem Wildtyp erhöht.  
10
3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man zur Erhöhung der Genexpression Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase, in den Organismus einbringt.  
15
4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß man Nukleinsäuren einbringt, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2, und die die enzymatische Eigenschaft einer Tyrosinaminotransferase aufweisen.  
20
5. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO. 1 einbringt.  
25
6. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß die Organismen zusätzlich gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, Tocopherolcyclase-Aktivität und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität aufweisen.  
30  
35
7. Verfahren nach Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß man zur zusätzlichen Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten, die Genexpression mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren  
40  
45

kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase gegenüber dem Wildtyp erhöht.

- 5 8. Verfahren nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß man zur Erhöhung der Genexpression mindestens einer der Nukleinsäuren, mindestens eine Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phy-  
10 tyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase in den Organismus ein-  
15 bringt.
9. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß die Organismen gegenüber dem Wildtyp zusätzlich eine reduzierte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität, Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität und Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität aufweisen.
- 20 10. Verfahren nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, daß man zur zusätzlichen Reduzierung mindestens einer der Aktivitäten, die Genexpression mindestens einer Nukleinsäure, ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Maleylacetoacetat-Isomerase und Nukleinsäuren kodierend eine Fumarylacetoacetat-Hydrolase gegenüber dem Wildtyp reduziert.
- 25 30 11. Verfahren gemäß Anspruch 9 oder 10, dadurch gekennzeichnet, daß die Organismen eine reduzierte Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität aufweisen.
- 35 12. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, daß man in den Organismus eine RNA einbringt, die einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz aufweist, die mit einem Teil der Organismus eigenen Nukleinsäure, codierend eine Homogentisat-Dioxygenase identisch ist.
- 40 13. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, daß man als Organismus eine Pflanze verwendet.

14. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, daß man nach dem Kultivieren den Organismus erntet und die Vitamin-E-Verbindungen anschließend aus dem Organismus isoliert.
- 5
15. Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend eine Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten.
- 10
16. Nukleinsäurekonstrukt nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß die Regulationssignale einen oder mehrere Promotoren enthalten, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten.
- 15
17. Nukleinsäurekonstrukt nach Anspruch 15 oder 16 dadurch gekennzeichnet, daß man als Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase ein Nukleinsäuren verwendet, die Proteine kodiert, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder
- 20
- eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2, und die die enzymatische Eigenschaft einer Tyrosinaminotransferase aufweist.
- 25
18. Nukleinsäurekonstrukt nach einem der Ansprüche 15 bis 17, dadurch gekennzeichnet, daß man Regulationssignale verwendet, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.
- 30
19. Nukleinsäurekonstrukt nach Anspruch 18, enthaltend zusätzlich eine Nukleinsäure kodierend ein plastidäres Transitpeptid.
- 35
20. Nukleinsäurekonstrukt nach einem der Ansprüche 15 bis 19, enthaltend zusätzlich eine, zwei oder drei Nukleinsäuren, ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren
- 40
- codierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren codierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren codierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die
- 45
- Transkription und Translation in Organismen gewährleisten.

21. Nukleinsäurekonstrukt nach einem der Ansprüche 15 bis 20,  
enthaltend zusätzlich funktionell verknüpft eine RNA, die ei-  
nen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem  
Bereich eine Nukleinsäuresequenz aufweist, die mit einem Teil  
5 einer Nukleinsäure, codierend eine Homogentisat-Dioxygenase  
identisch ist.
22. Kombination aus Nukleinsäurekonstrukten, wobei die Kombina-  
tion ein Nukleinsäurekonstrukt gemäß einem der Ansprüche 15  
10 bis 21 und
- a) mindestens ein weiteres Nukleinsäurekonstrukt, ausgewählt  
aus der Gruppe A bis F
- 15 A Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend  
eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, die mit einem oder  
mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind,  
die die Transkription und Translation in Organismen ge-  
währleisten,
- 20 B Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend  
eine Homogentisat-Phytyltransferase, die mit einem oder  
mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind,  
die die Transkription und Translation in Organismen ge-  
25 währleisten und
- C Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend  
eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, die mit  
einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell ver-  
knüpft sind, die die Transkription und Translation in Or-  
30 ganismen gewährleisten,
- D Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend  
eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, die  
mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell  
35 verknüpft sind, die die Transkription und Translation in  
Organismen gewährleisten,
- E Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend  
eine Tocopherolcyclase, die mit einem oder mehreren  
Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die  
40 Transkription und Translation in Organismen gewährleisten  
und
- 45 F Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend Nukleinsäuren codierend  
eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, die mit einem oder  
mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind,

die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten,

oder

5

b) mindestens ein weiteres Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend zwei, drei oder vier Nukleinsäurekonstrukte, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäurekonstrukte A bis F,

10

umfasst.

23. Kombination von Nukleinsäurekonstrukten gemäß Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, daß die Regulationssignale einen oder mehrere Promotoren und einen oder mehrere Terminatoren enthalten, die die Transkription und Translation in Organismen gewährleisten.

15

24. Kombination von Nukleinsäurekonstrukten gemäß Anspruch 23, dadurch gekennzeichnet, daß man Regulationssignale verwendet, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

20

25. Genetisch veränderter Organismus, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Tyrosinaminotransferase gegenüber einem Wildtyp erhöht.

25

26. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, daß die Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität durch eine Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.

30

27. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 26, dadurch gekennzeichnet, daß man zur Erhöhung der Genexpression Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase, in den Organismus einbringt.

35

28. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 27, dadurch gekennzeichnet, daß man Nukleinsäuren einbringt, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO. 2, und die die enzymatische Eigenschaft einer Tyrosinaminotransferase aufweisen.

45

29. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, daß der Organismus mindestens eine exogene Nukleinsäure codierend eine Tyrosinaminotransferase oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren codierend eine Tyrosinaminotransferase enthält.
30. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 29, dadurch gekennzeichnet, daß die genetische Veränderung zusätzlich mindestens eine der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase-Aktivität, Homogentisat-Phytyltransferase-Aktivität, Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase-Aktivität, 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase-Aktivität, Tocopherolcyclase-Aktivität und  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase-Aktivität gegenüber einem Wildtyp erhöht.
31. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 30, dadurch gekennzeichnet, daß die Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten durch eine Erhöhung der Genexpression mindestens einer Nukleinsäure, ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase, Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.
32. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 31, dadurch gekennzeichnet, daß der Organismus mindestens eine exogene Nukleinsäure kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase oder zwei oder mehr endogene Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxyphenylpyruvat-Dioxygenase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase oder zwei oder mehr endogene Nukleinsäuren kodierend eine Homogentisat-Phytyltransferase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase oder zwei oder mehr endogene Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Pyrophosphat-Oxidoreduktase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase oder zwei oder mehr endogene Nukleinsäuren kodierend eine 2-Methyl-6-Phytylhydrochinon-Methyltransferase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure kodierend eine Tocopherolcyclase oder zwei oder mehr endogene Nukleinsäuren kodierend eine Tocopherolcyclase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase oder

zwei oder mehr endogene Nukleinsäuren kodierend eine  $\gamma$ -Tocopherol-Methyltransferase, enthält.

- 5 33. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 32, dadurch gekennzeichnet, daß die genetische Veränderung zusätzlich mindestens eine der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe, Homogentisat-Dioxygenase-Aktivität, Maleylacetoacetat-Isomerase-Aktivität und Fumarylacetoacetat-Hydrolase-Aktivität gegenüber einem Wildtyp reduziert.
- 10 34. Genetisch veränderter Organismus nach Anspruch 33, dadurch gekennzeichnet, daß die Reduzierung mindestens einer der Aktivitäten durch eine Reduzierung der Genexpression mindestens einer Nukleinsäure, ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren
- 15 kodierend eine Homogentisat-Dioxygenase, Nukleinsäuren kodierend eine Maleylacetoacetat-Isomerase und Nukleinsäuren kodierend eine Fumarylacetoacetat-Hydrolase, gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.
- 20 35. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 34, dadurch gekennzeichnet, daß der genetisch veränderte Organismus gegenüber dem Wildtyp einen erhöhten Vitamin E-Gehalt aufweist.
- 25 36. Genetisch veränderter Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 35, dadurch gekennzeichnet daß man als Organismus eine Pflanze verwendet.
- 30 37. Verwendung eines genetisch veränderten Organismus nach einem der Ansprüche 25 bis 36 zur Herstellung von Vitamin E.
- 35 38. Verwendung der genetisch veränderten Organismen nach einem der Ansprüche 25 bis 36 als Futter- und Nahrungsmittel, zur Herstellung von prozessierten Lebensmittel, zur Herstellung von Vitamin E-haltigen Extrakten der Organismen oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmittel.
- 40 39. Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Organismen gemäß einem der Ansprüche 25 bis 36, dadurch gekennzeichnet, daß man Nukleinsäuren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 12 oder Nukleinsäurekonstrukte gemäß einem der Ansprüche 15 bis 21 oder Kombinationen von Nukleinsäurekonstrukten gemäß einem der Ansprüche 22 bis 24 in das Genom des Ausgangsorganismus einführt.

40. Verwendung der Nukleinsäuren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 12 oder der Nukleinsäurekonstrukte gemäß einem der Ansprüche 15 bis 21 oder der Kombinationen von Nukleinsäurekonstrukten gemäß einem der Ansprüche 22 bis 24 zur Erhöhung des Gehalts an Vitamin E in Organismen, die als Wildtyp in der Lage sind, Vitamin E zu produzieren.

10

15

20

25

30

35

40

45

Abbildung 1:

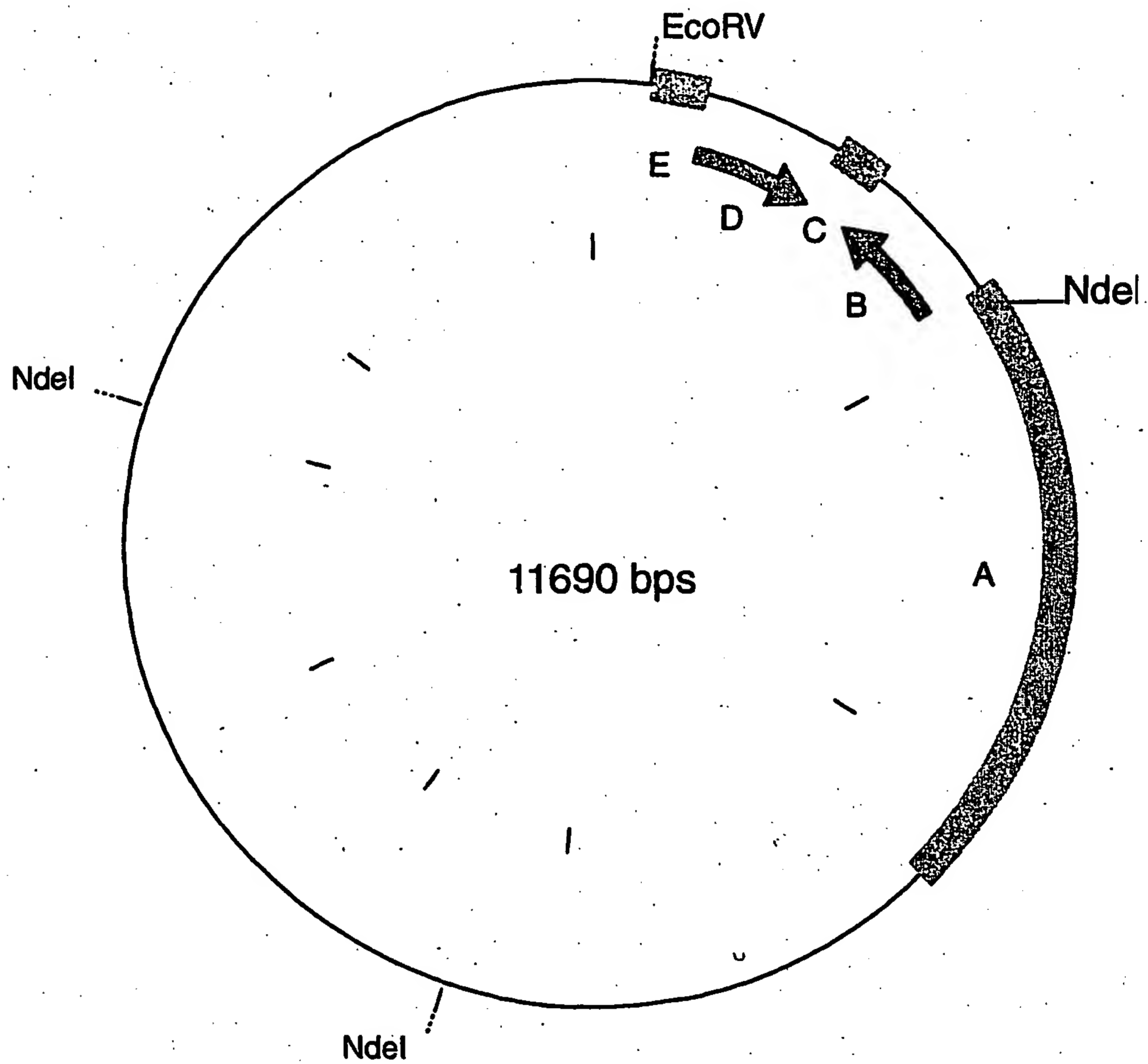
pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst

Abbildung 2:

pSUN2-USPP-rbcS-RnTATase-nost

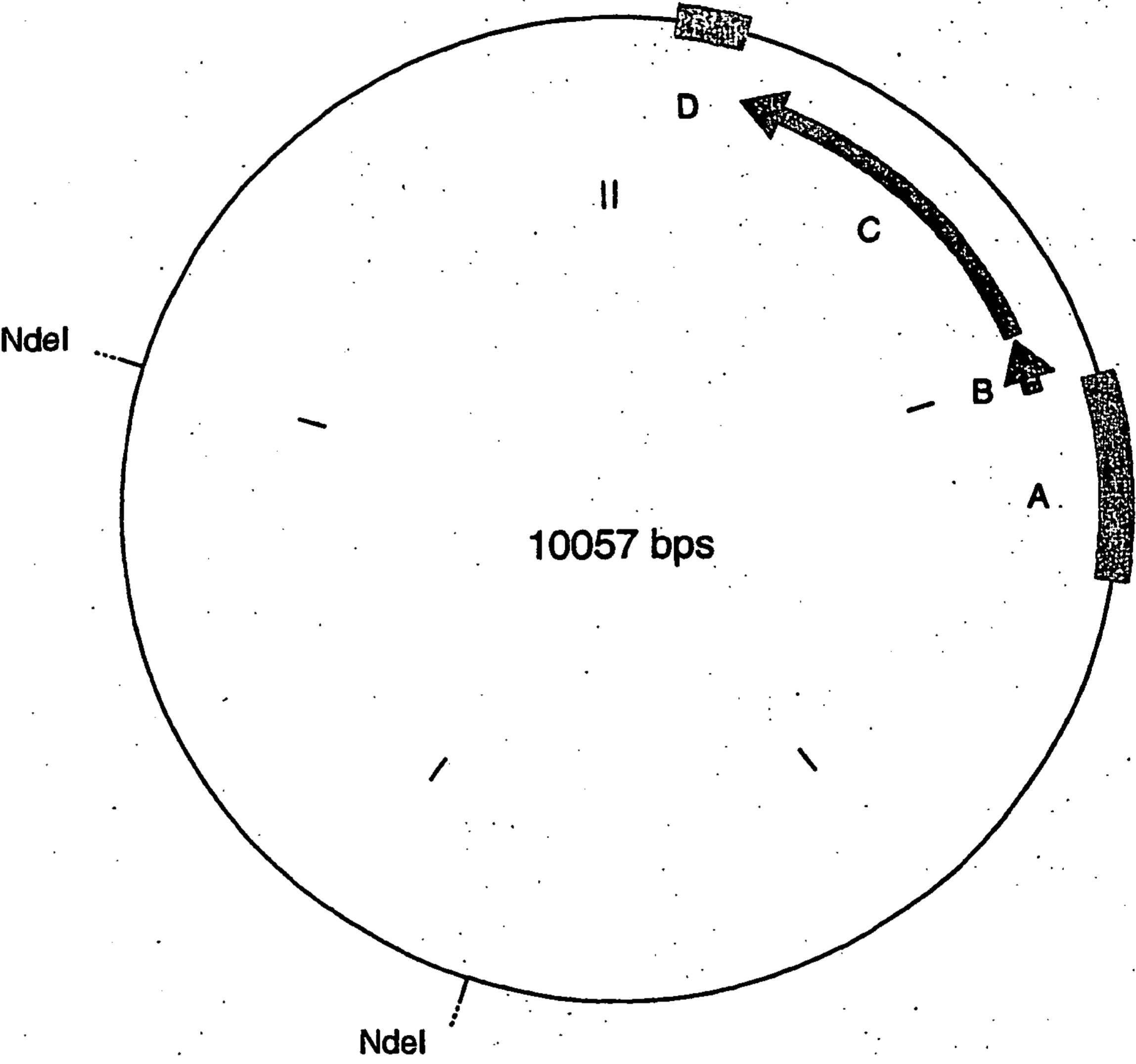


Abbildung 3:

pSUN2-USPP-AttTATase1-nost

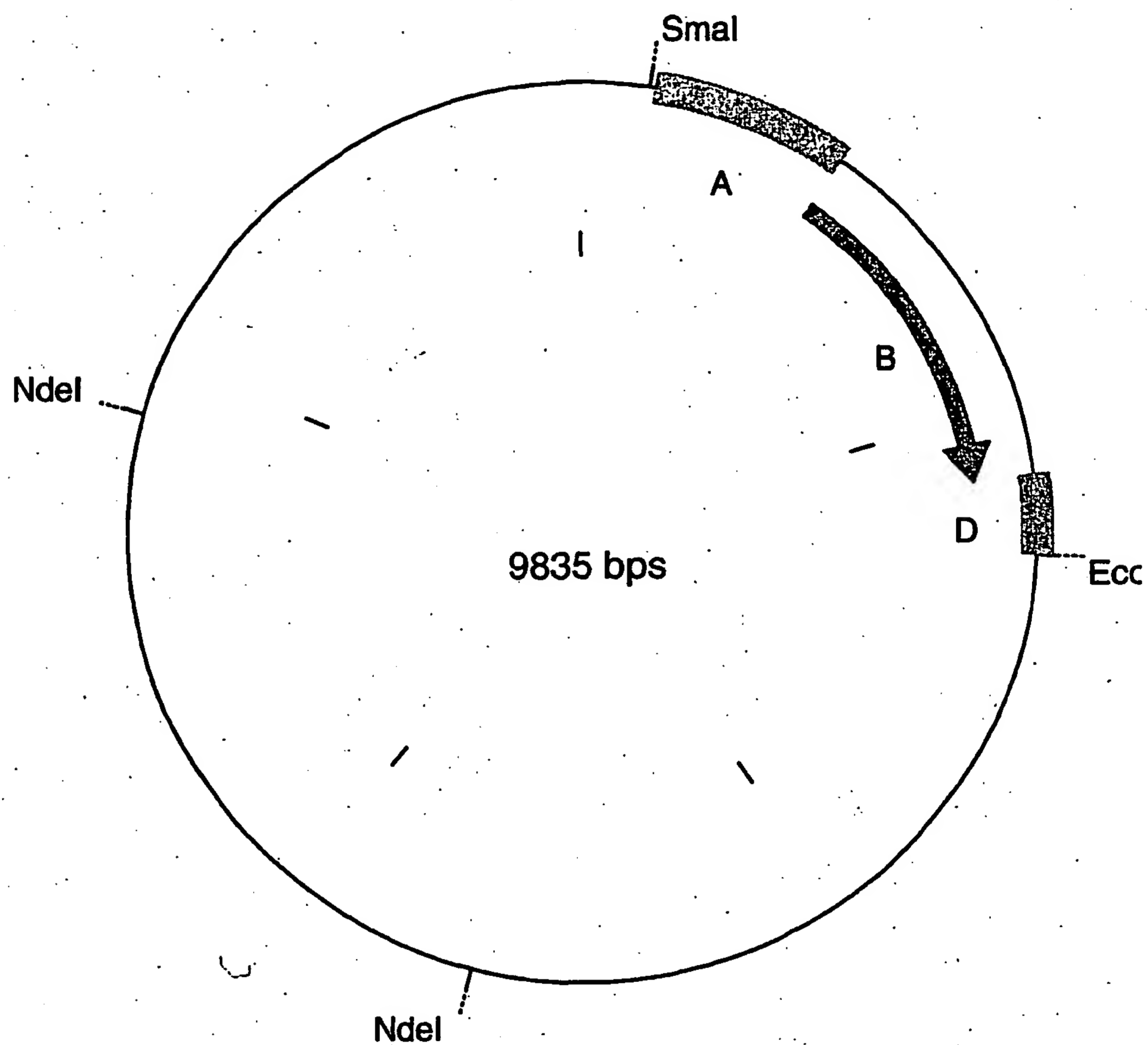


Abbildung 4:

pSUN2-USPP-AtTATase3-nost

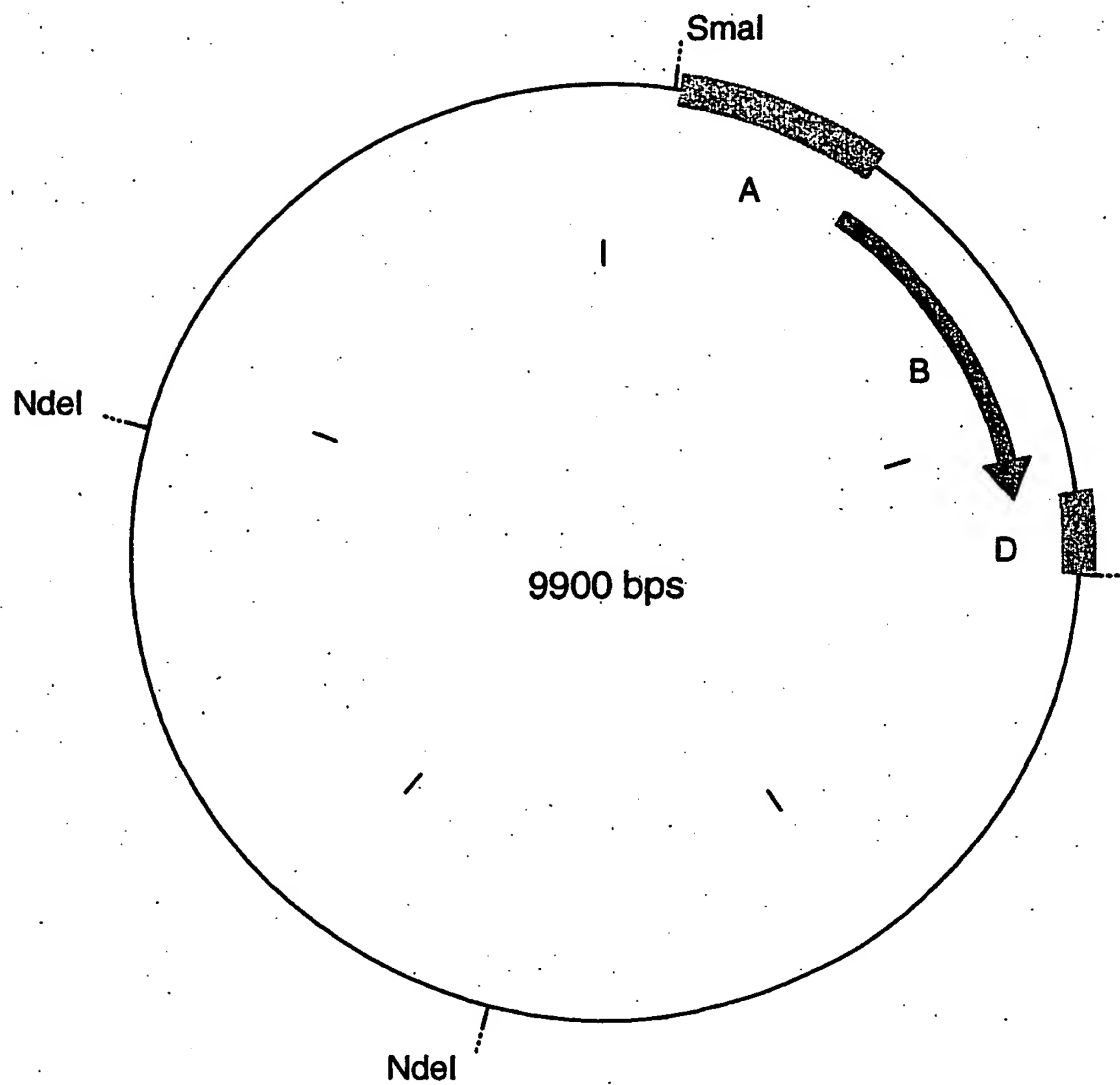


Abbildung 5:

pSUN2-USPP-AtTATase5-nosT

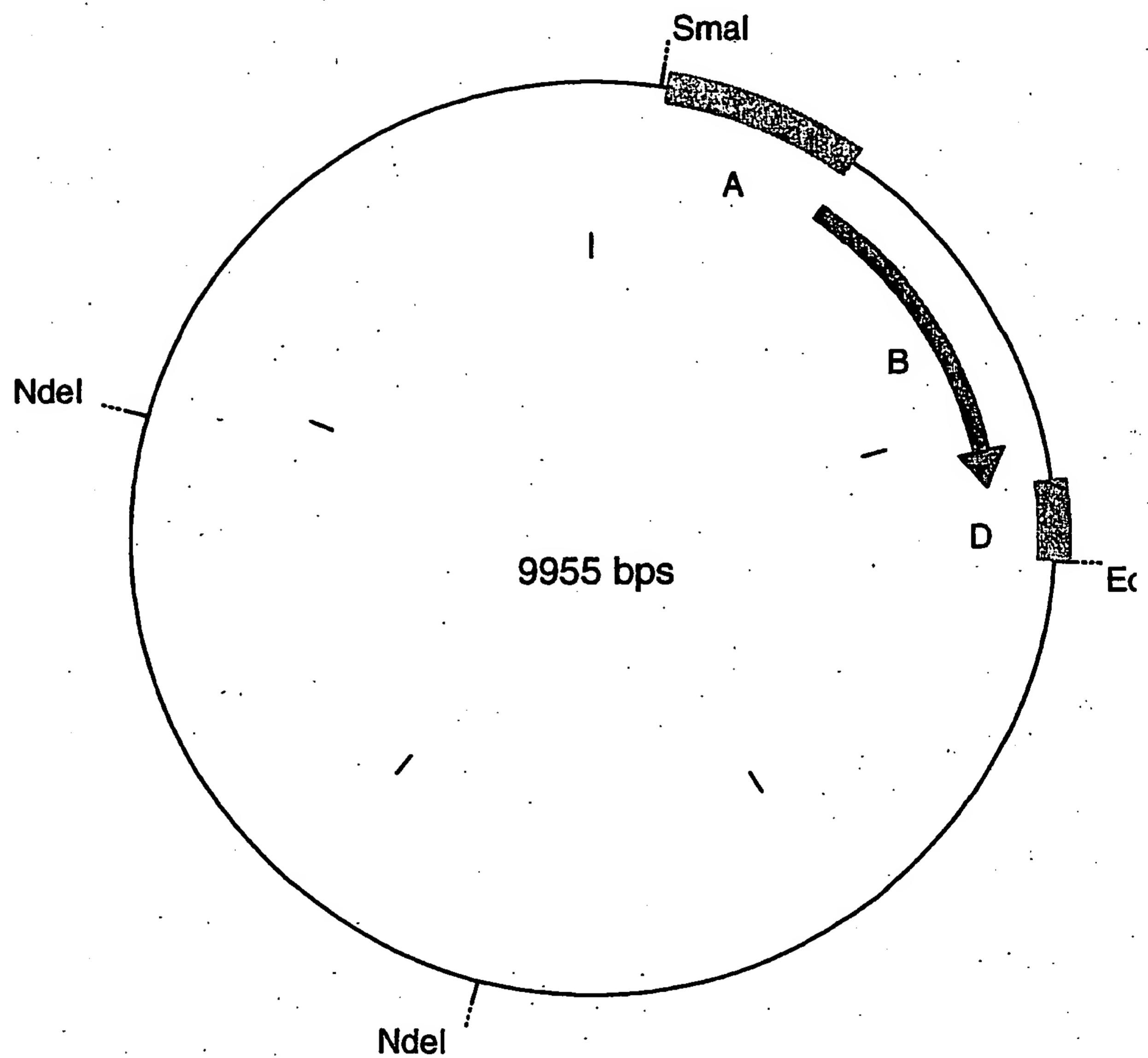
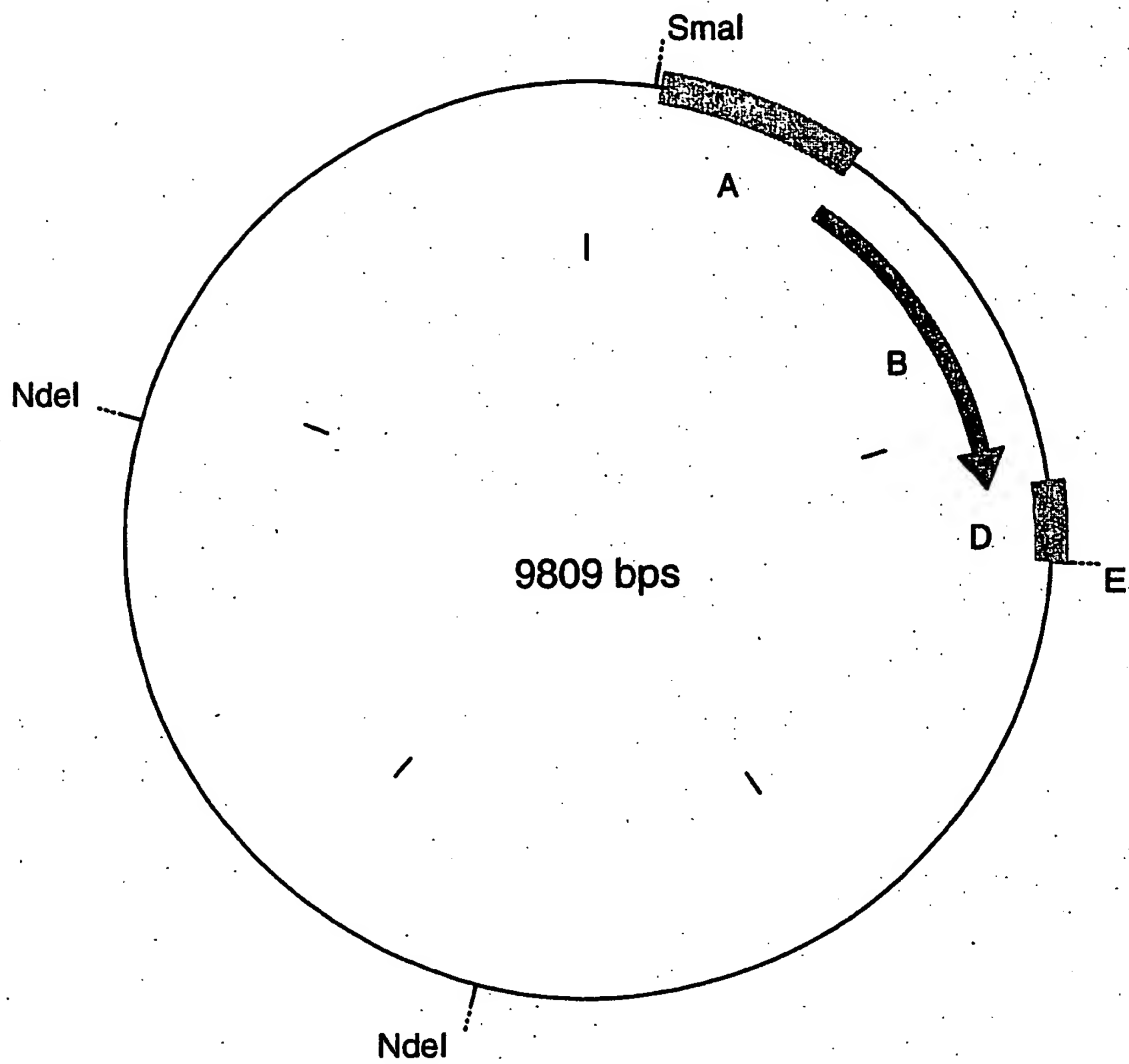


Abbildung 6:

pSUN2-USPP-AtTATase6-nost



7/63

Abbildung 7:

pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nosT

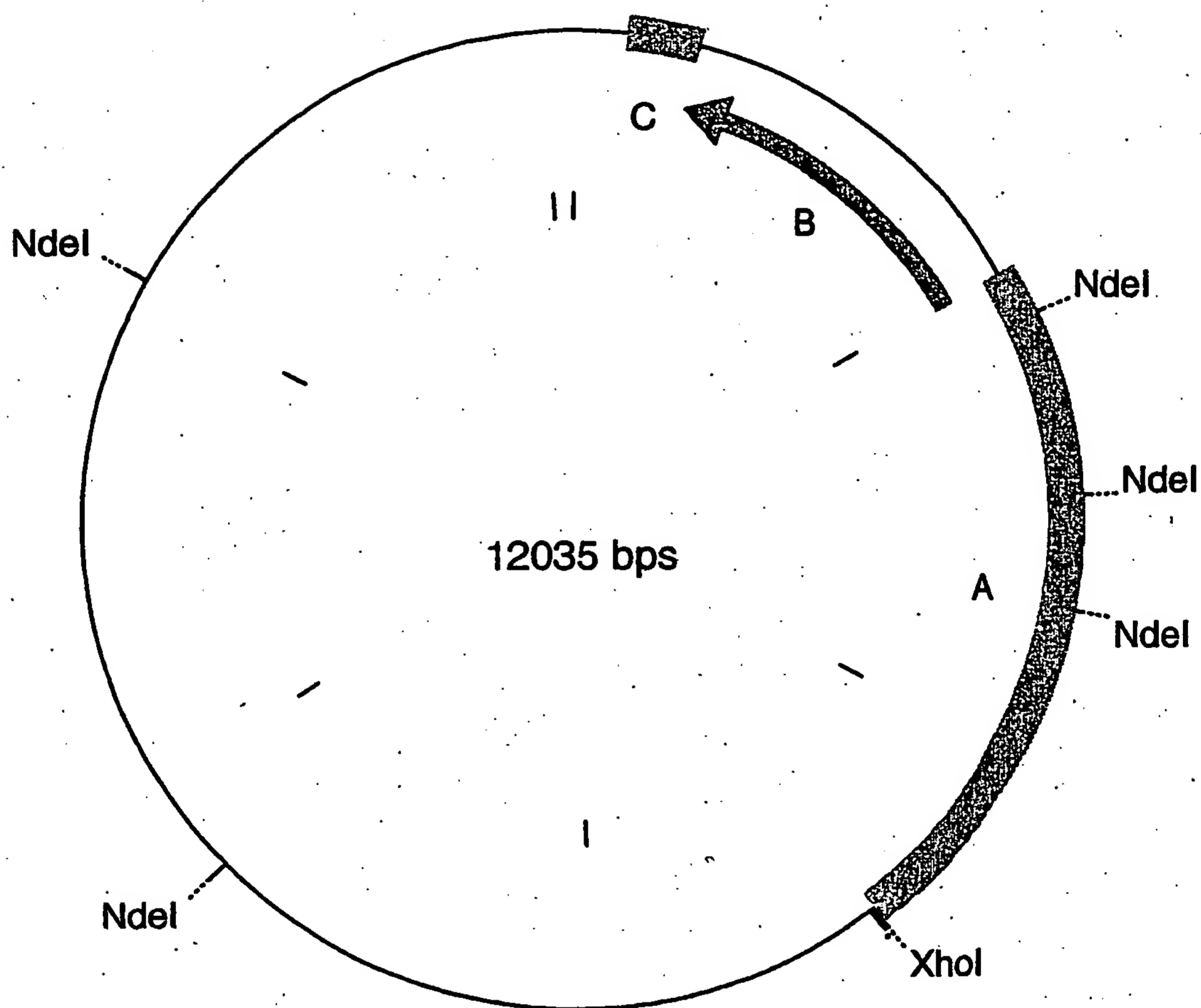


Abbildung 8:

pSUN2-USP-AtHPPD-ocst

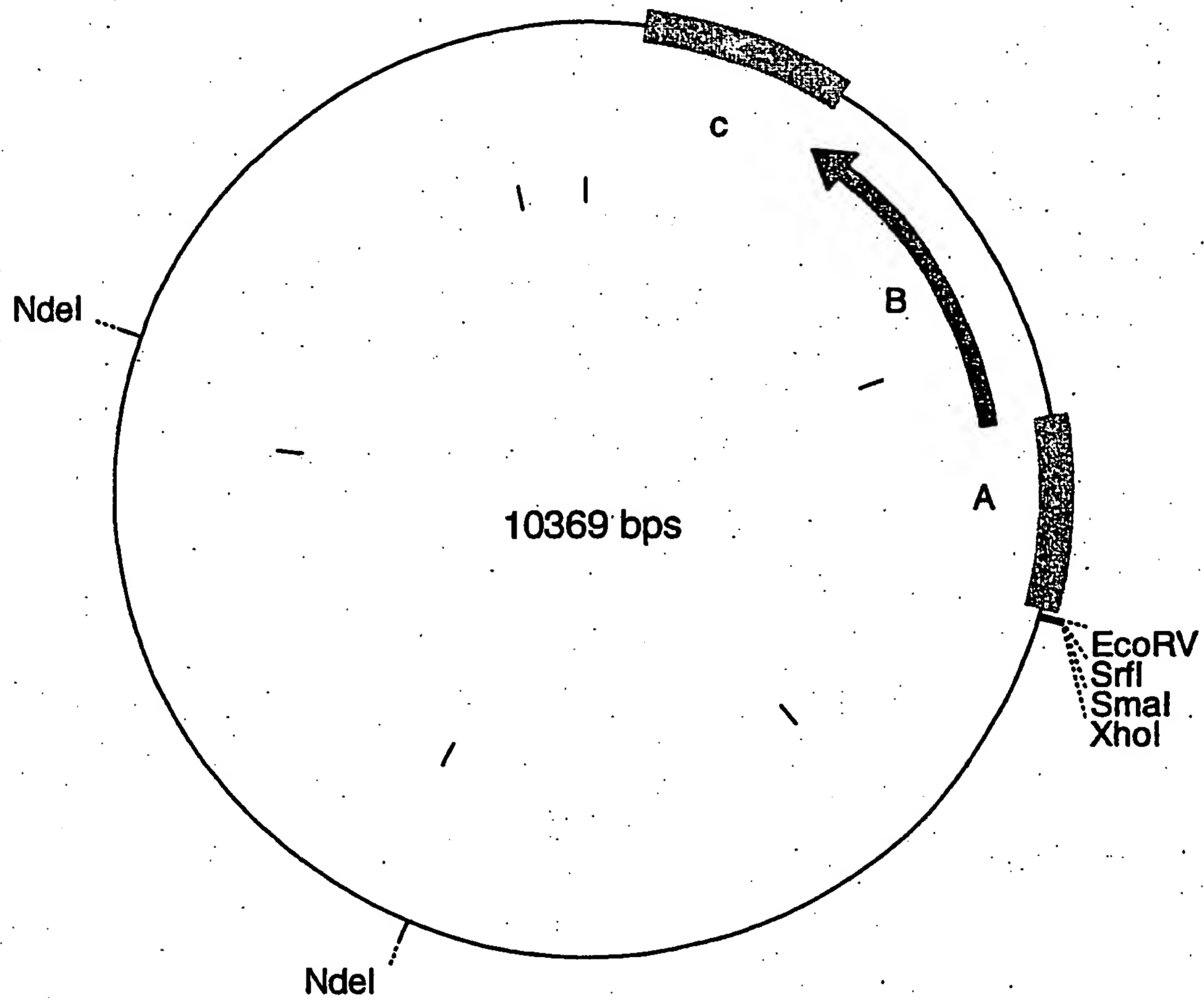
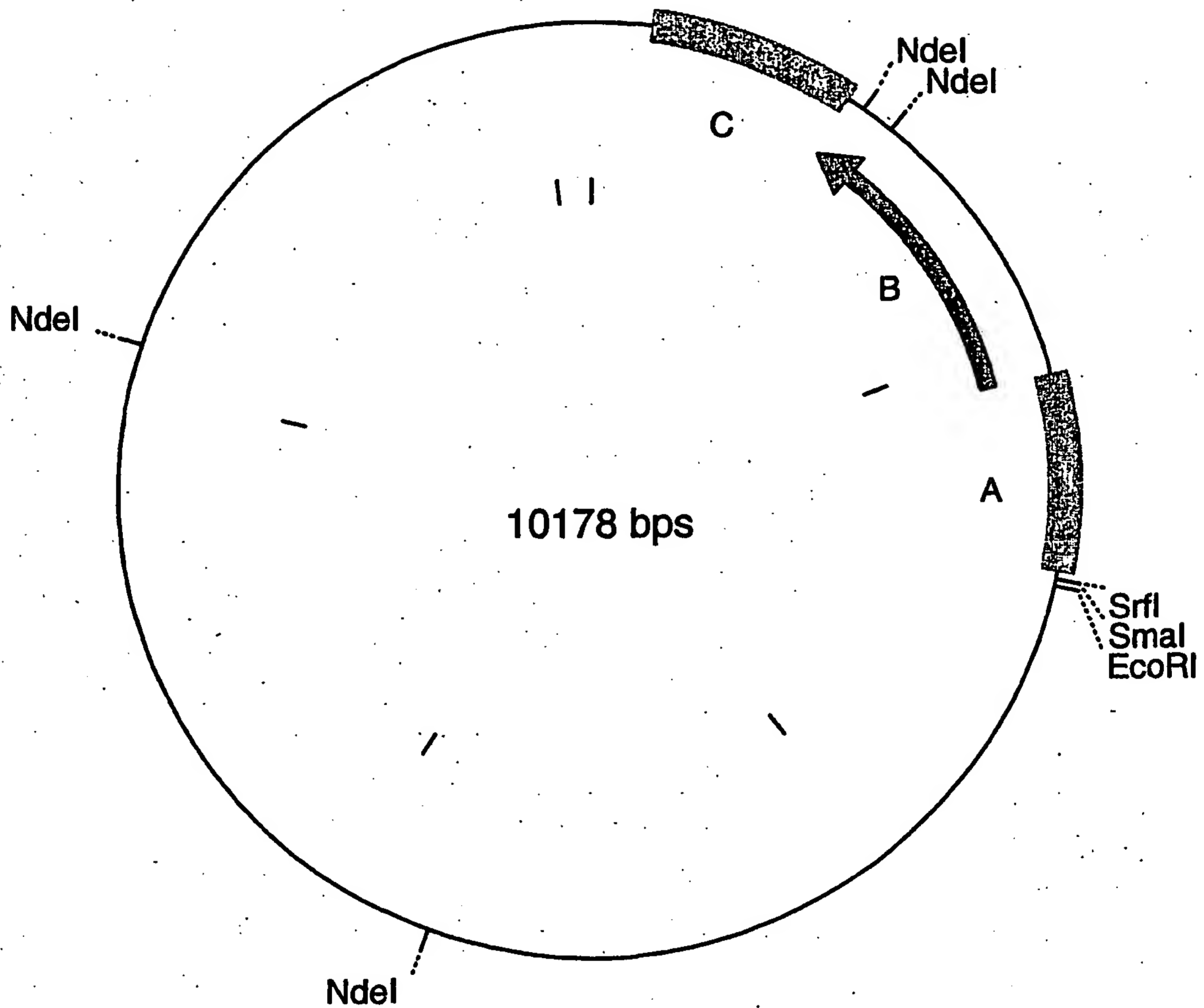


Abbildung 9:

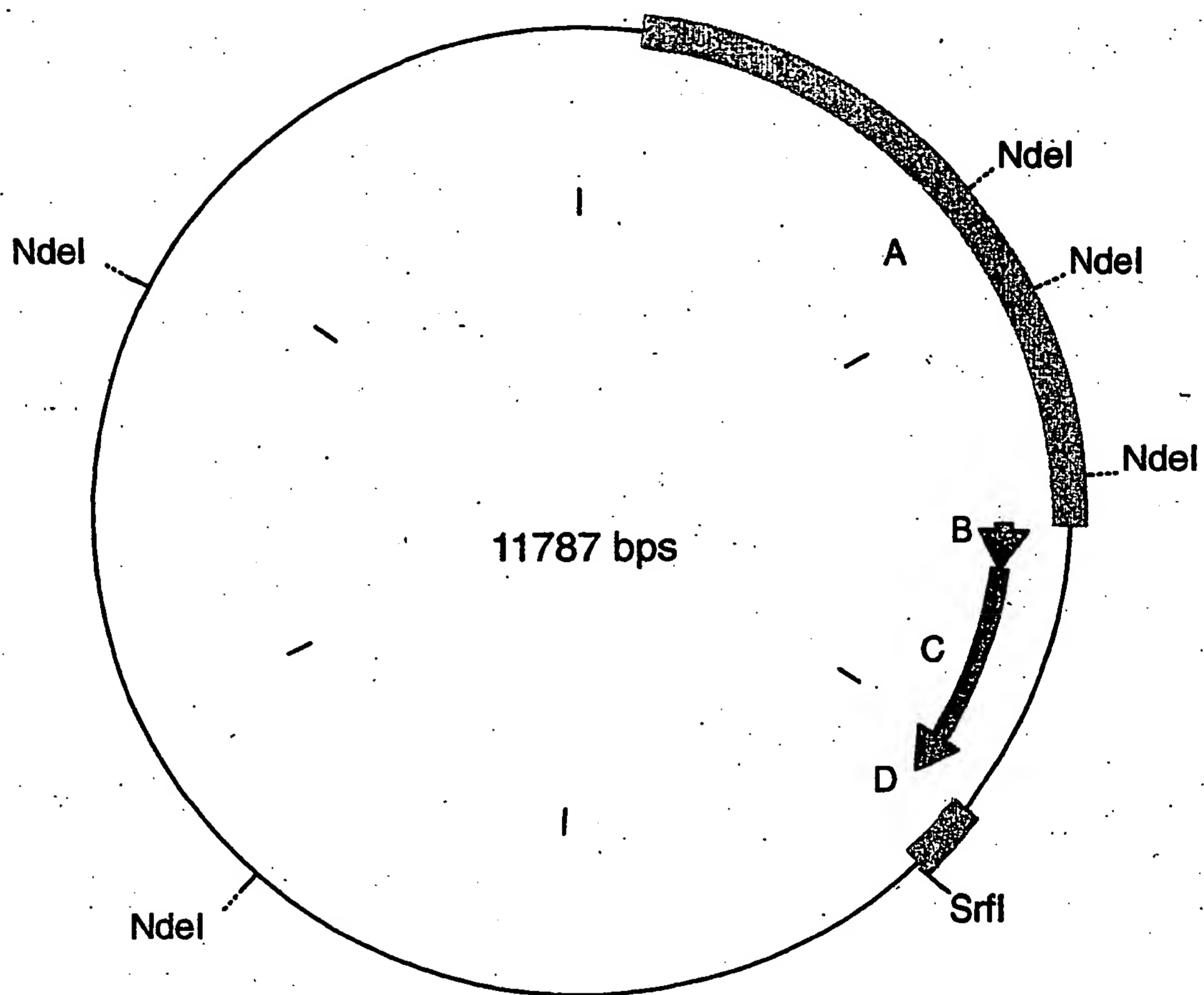
pSUN2-USP-AtHPT-ocsT



10/63

### Abbildung 10:

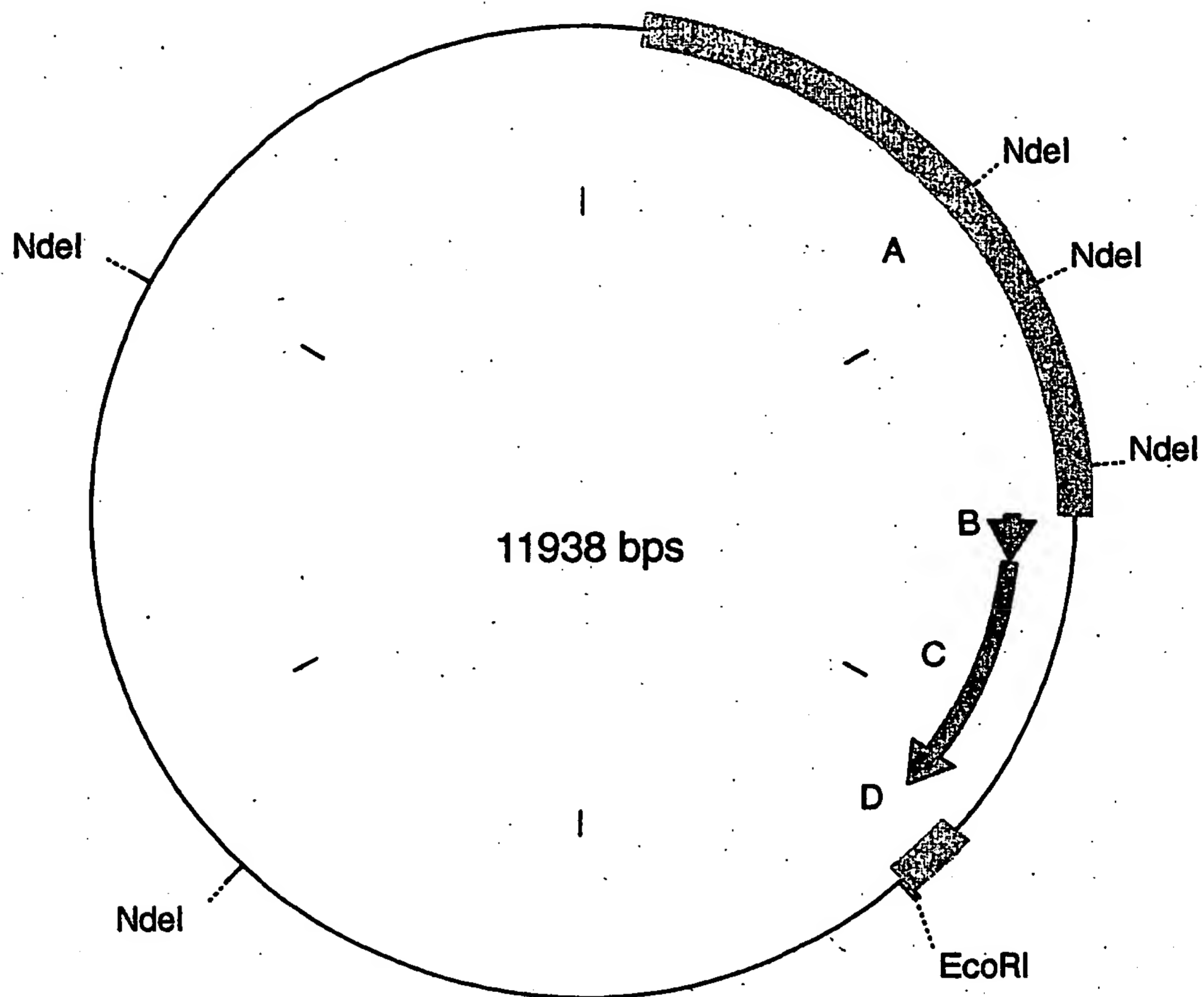
**pSUN2-Leb4-IPP-SynMT1-nost**



11/63

Abbildung 11:

pSUN2-LeB4-IPP-SynCyc-nost



12/63

Abbildung 12:

pSUN2-SBPP-AtγTMT-35sT

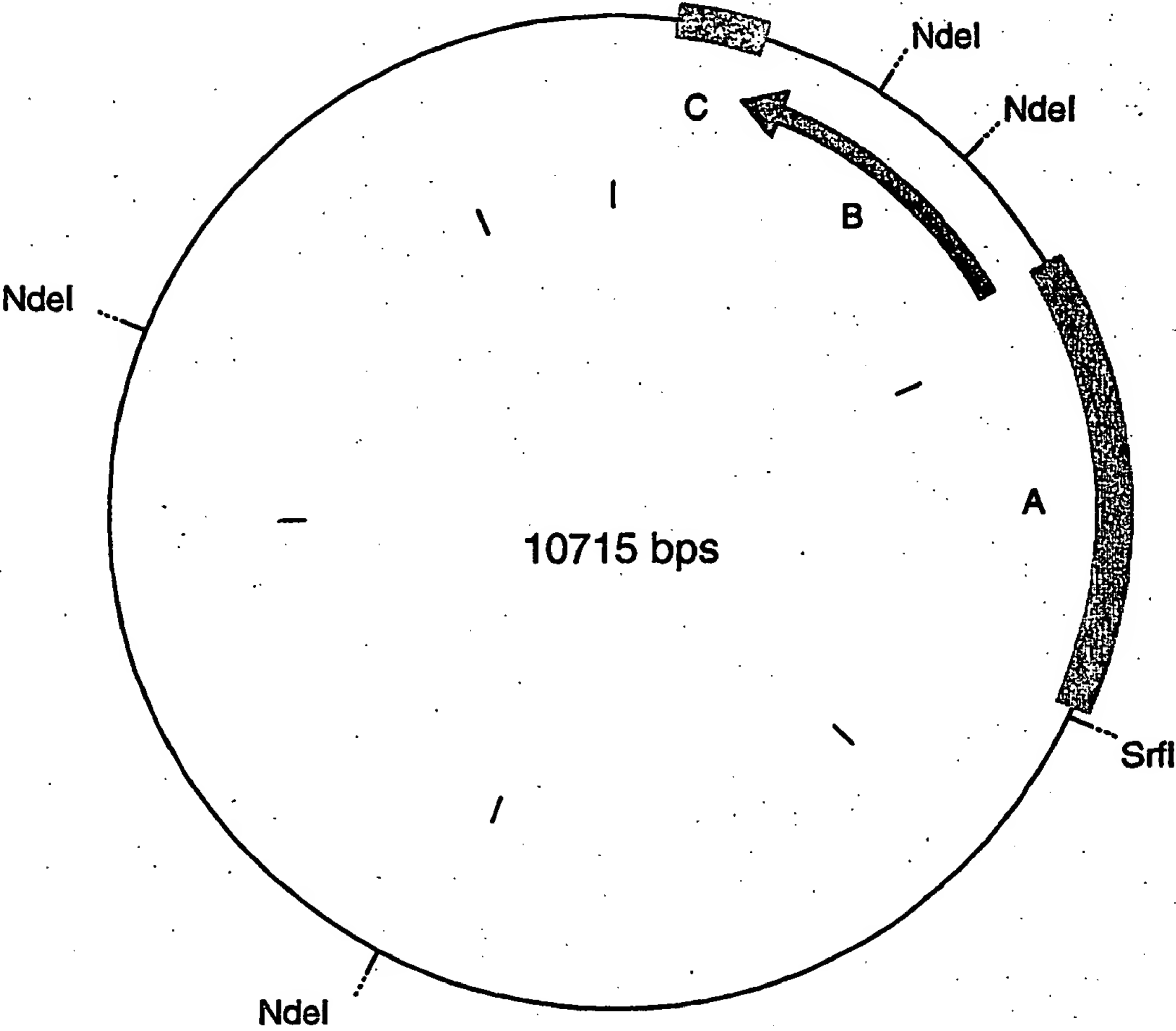


Abbildung 13:

**pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-USPP-rbcS-RnTATase-nost**

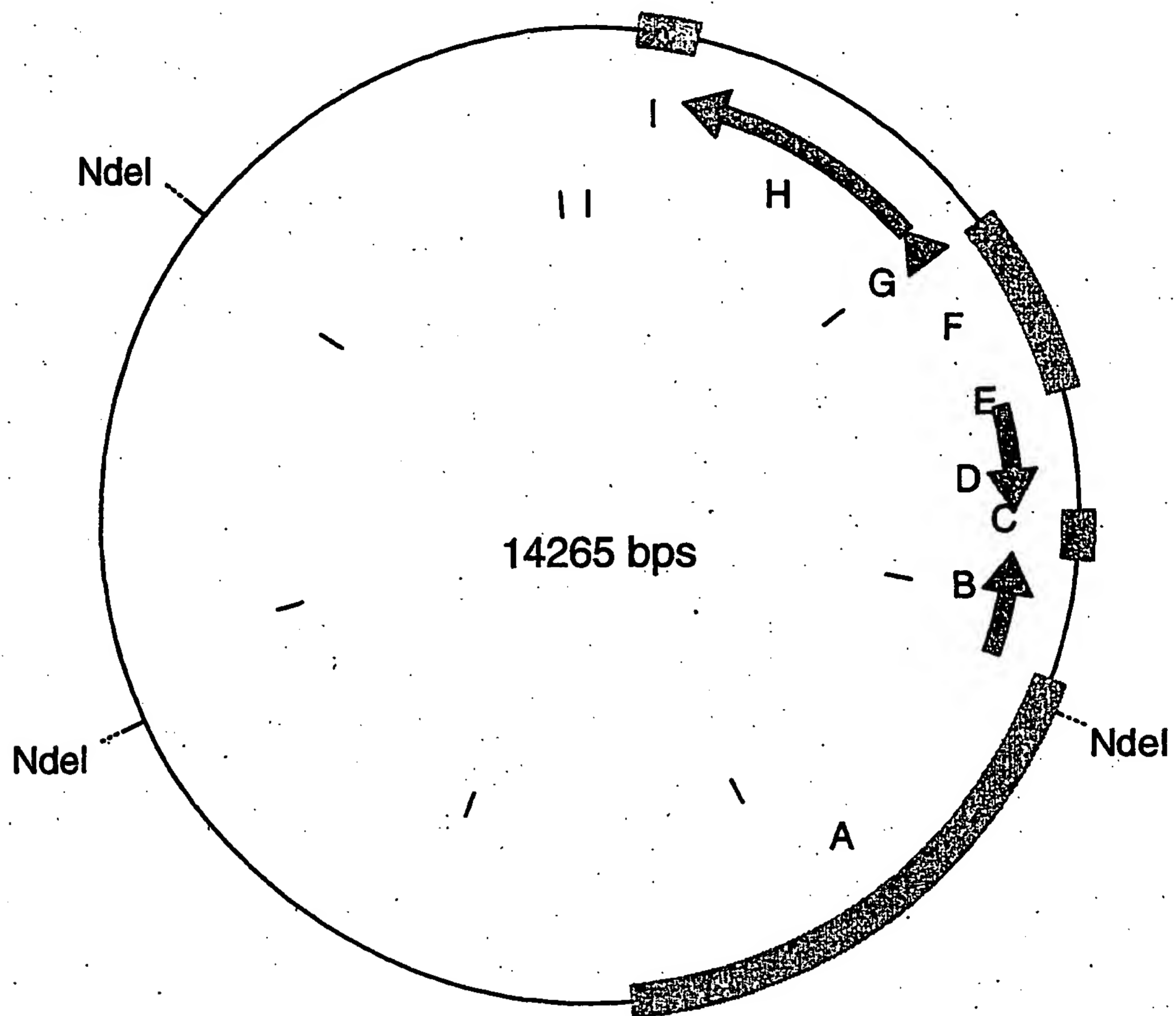
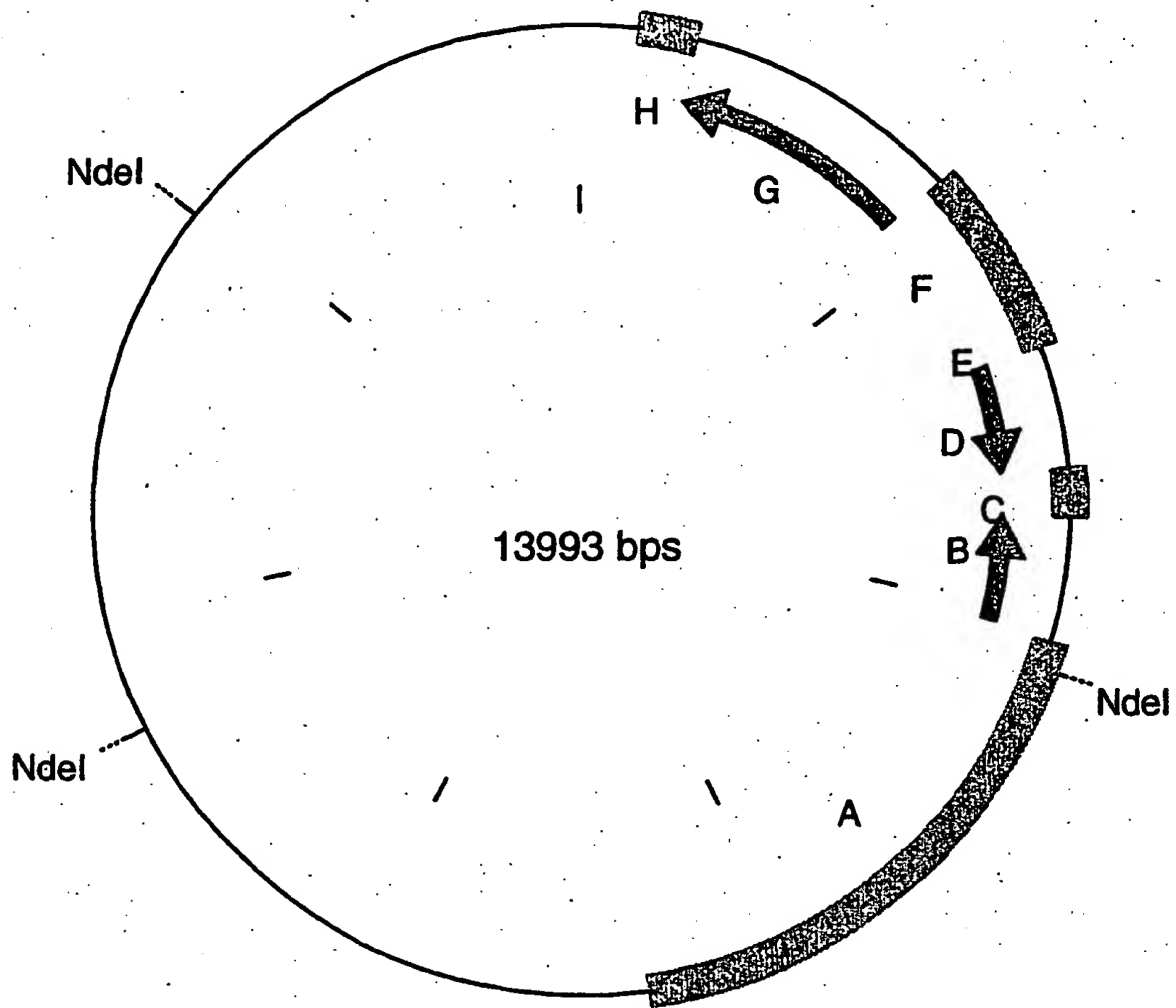


Abbildung 14:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-USPP-AtTATase1-nost



## Abbildung 15:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-USPP-AtTATase3-nost

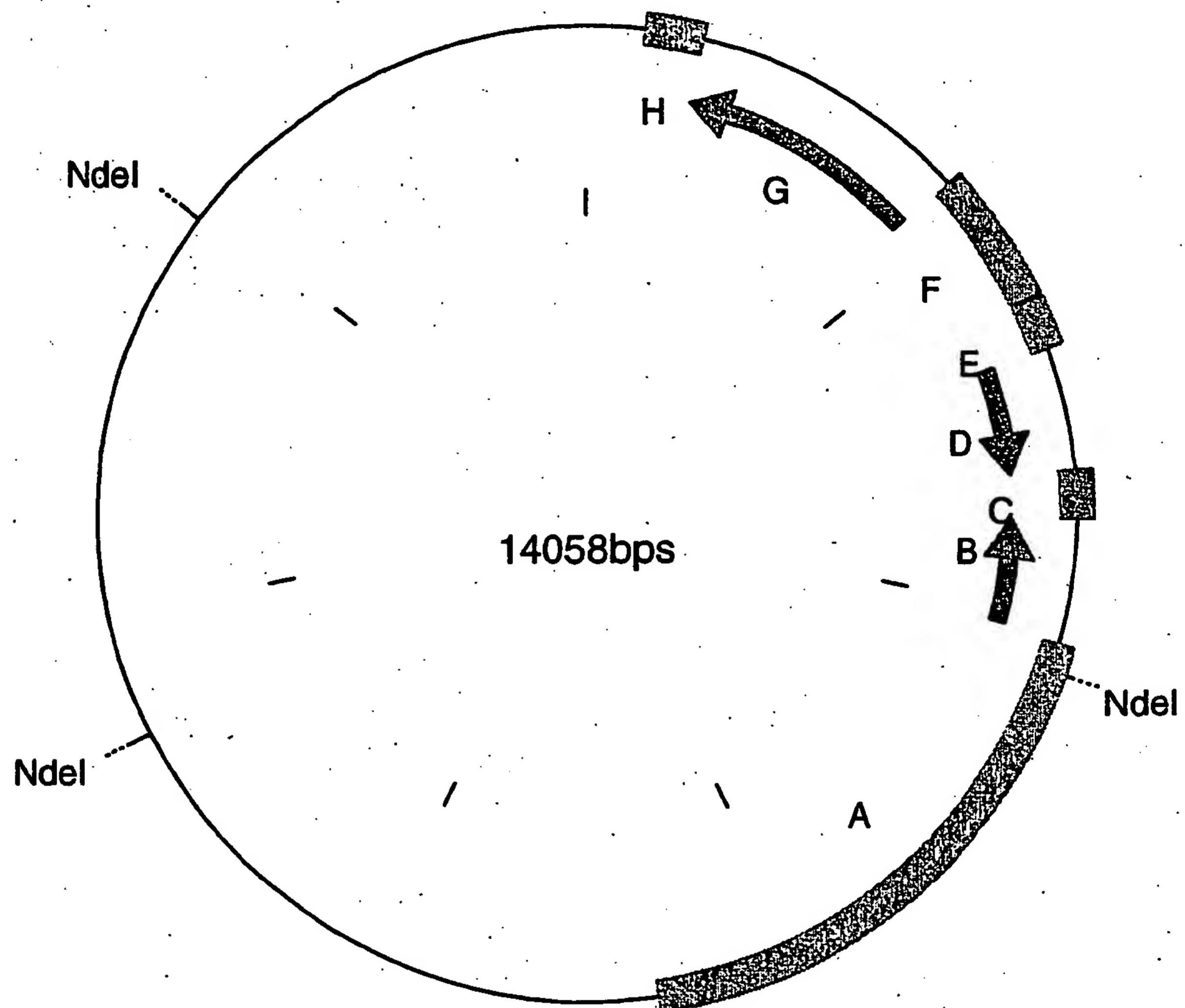
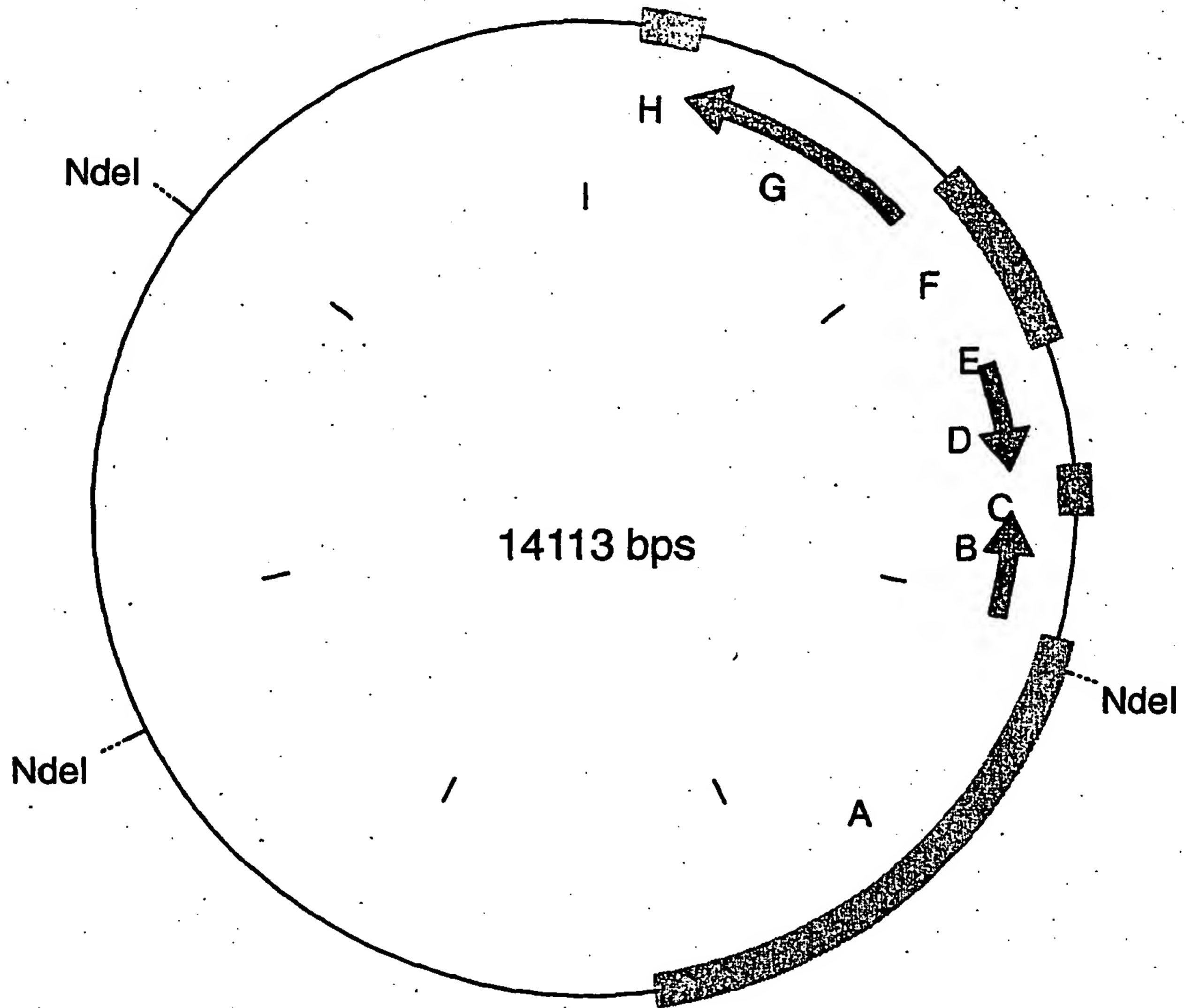


Abbildung 16:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT-USPP-AtTATase5-nosT



17/63

Abbildung 17:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT-USPP-AtTATase6-nost

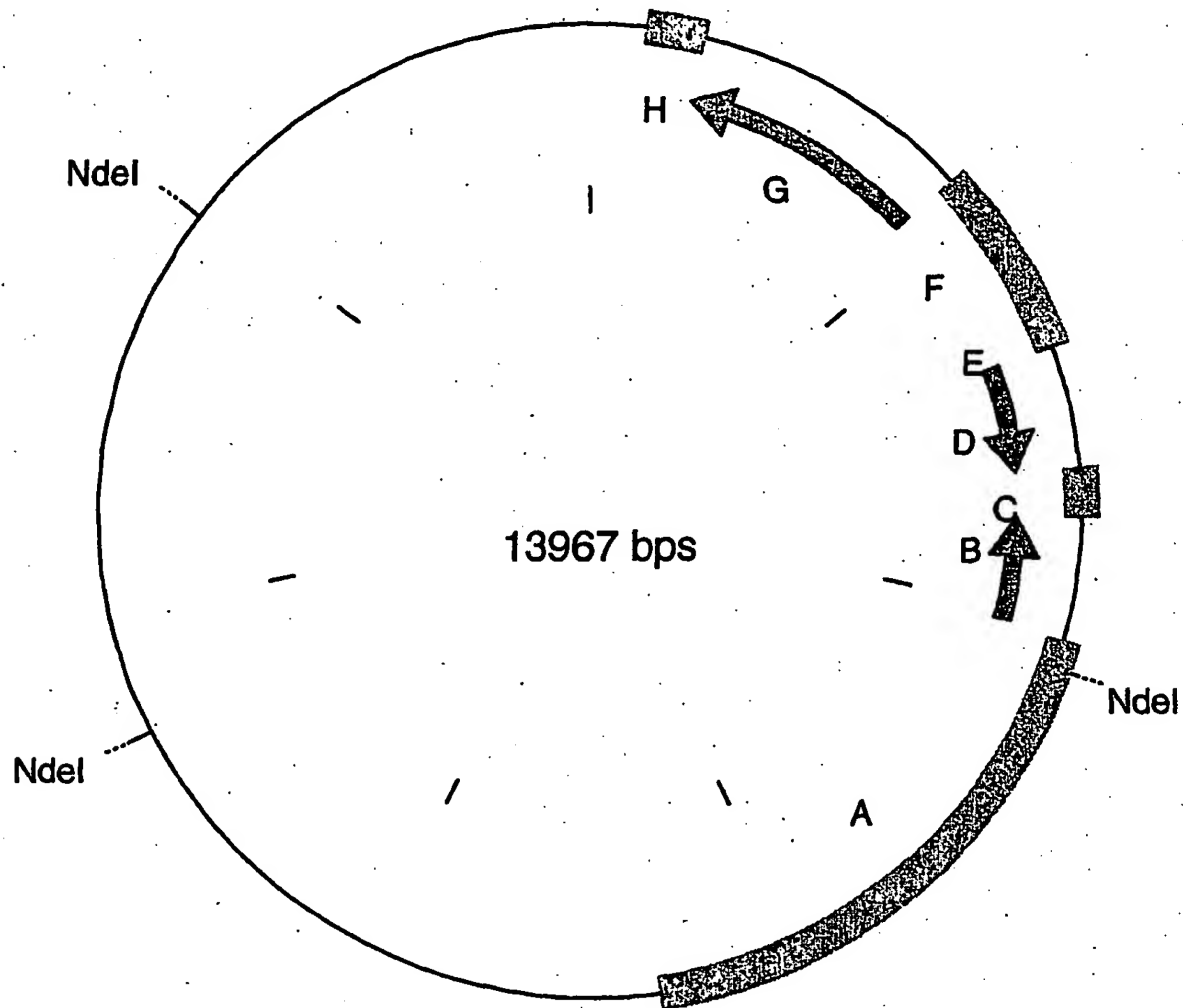


Abbildung 18: pSUN2-Leb4-NtGGPPOR-nost-USPP-rbcS-RnTATase-nost

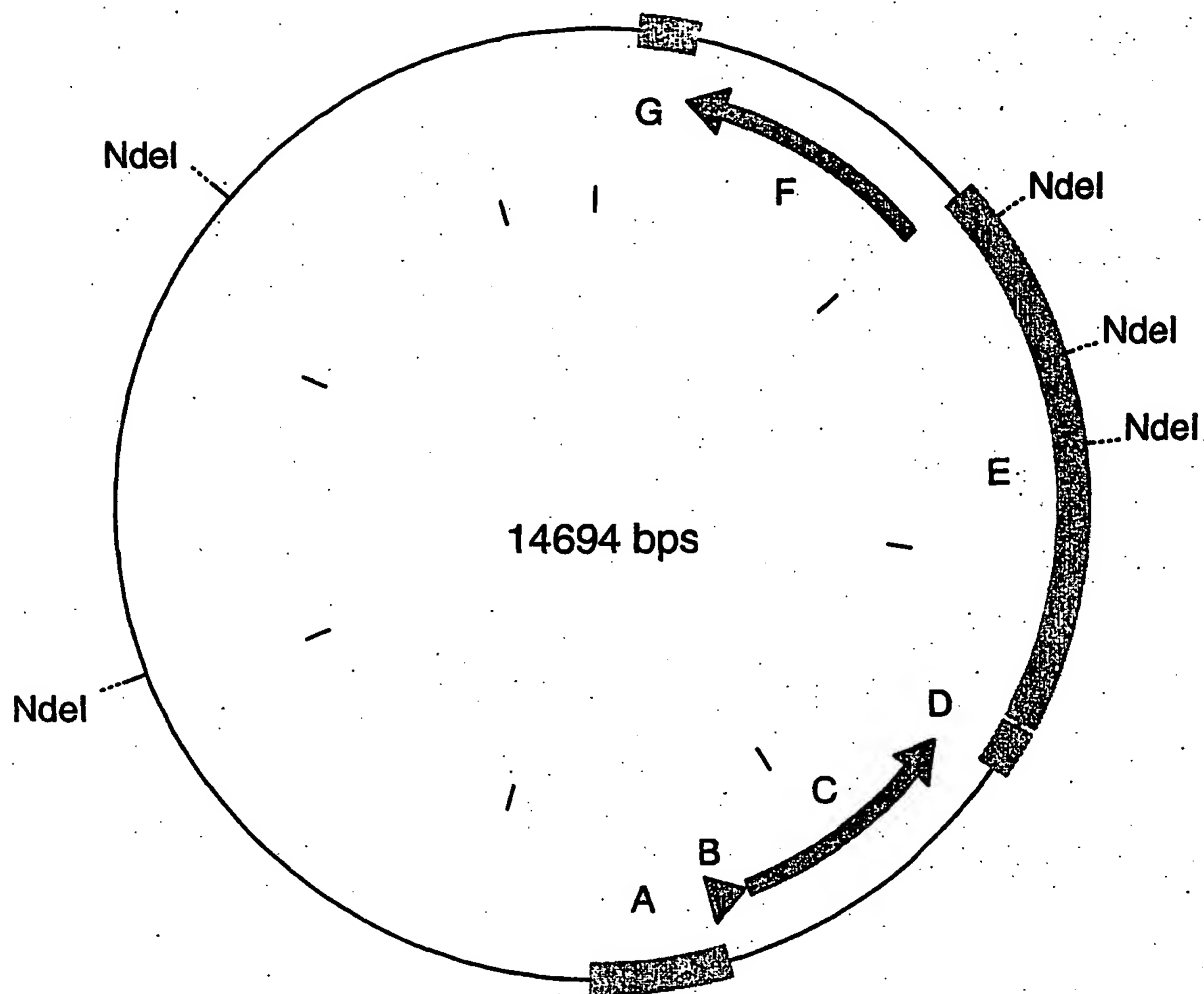
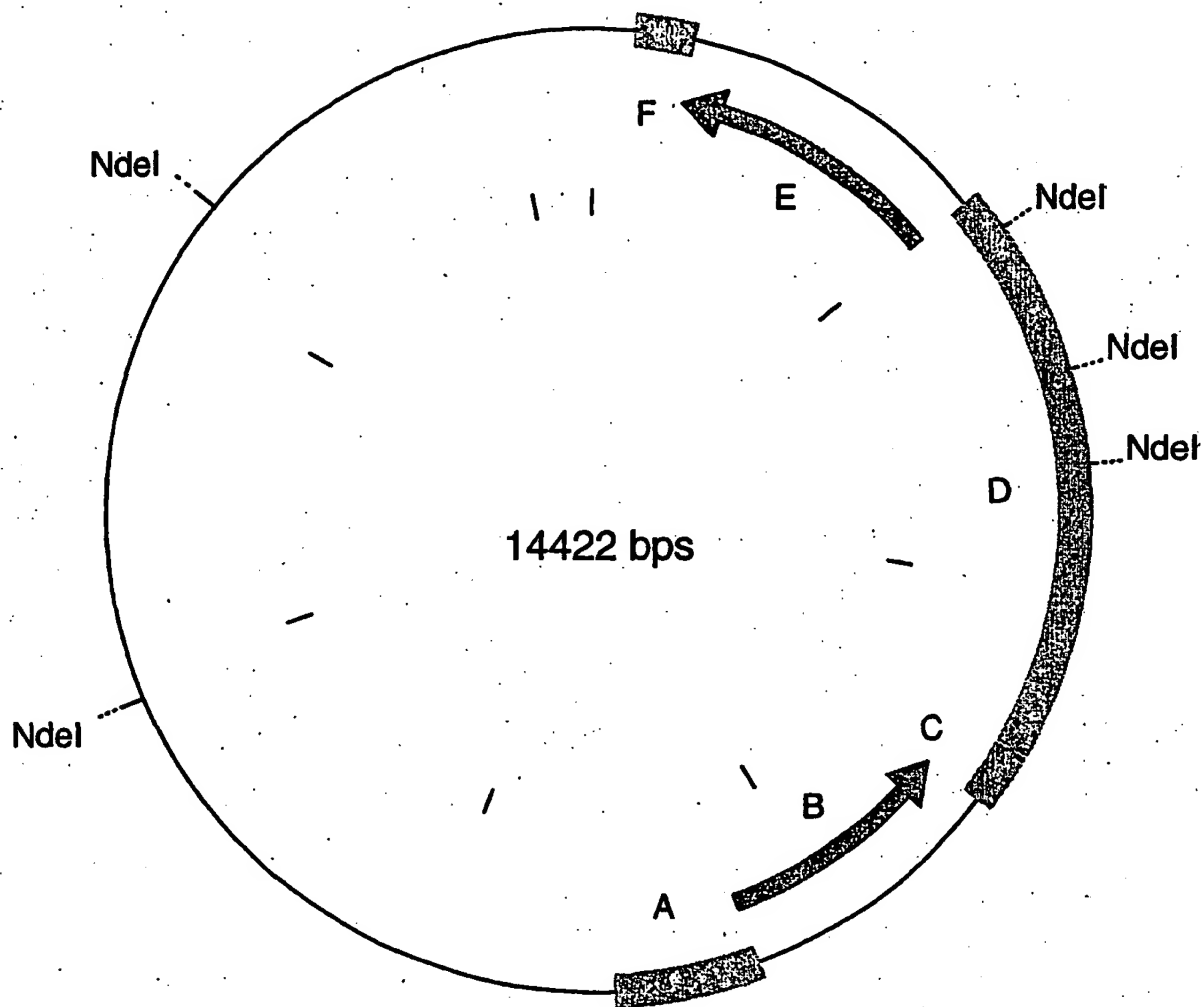


Abbildung 19: pSUN2-Leb4-NtGGPPOR-nost-USPP-AttTATase1-nost



20/63

Abbildung 20: pSUN2-Leb4-NtGGPPOR-nost-USPP-AtTATase3-nost

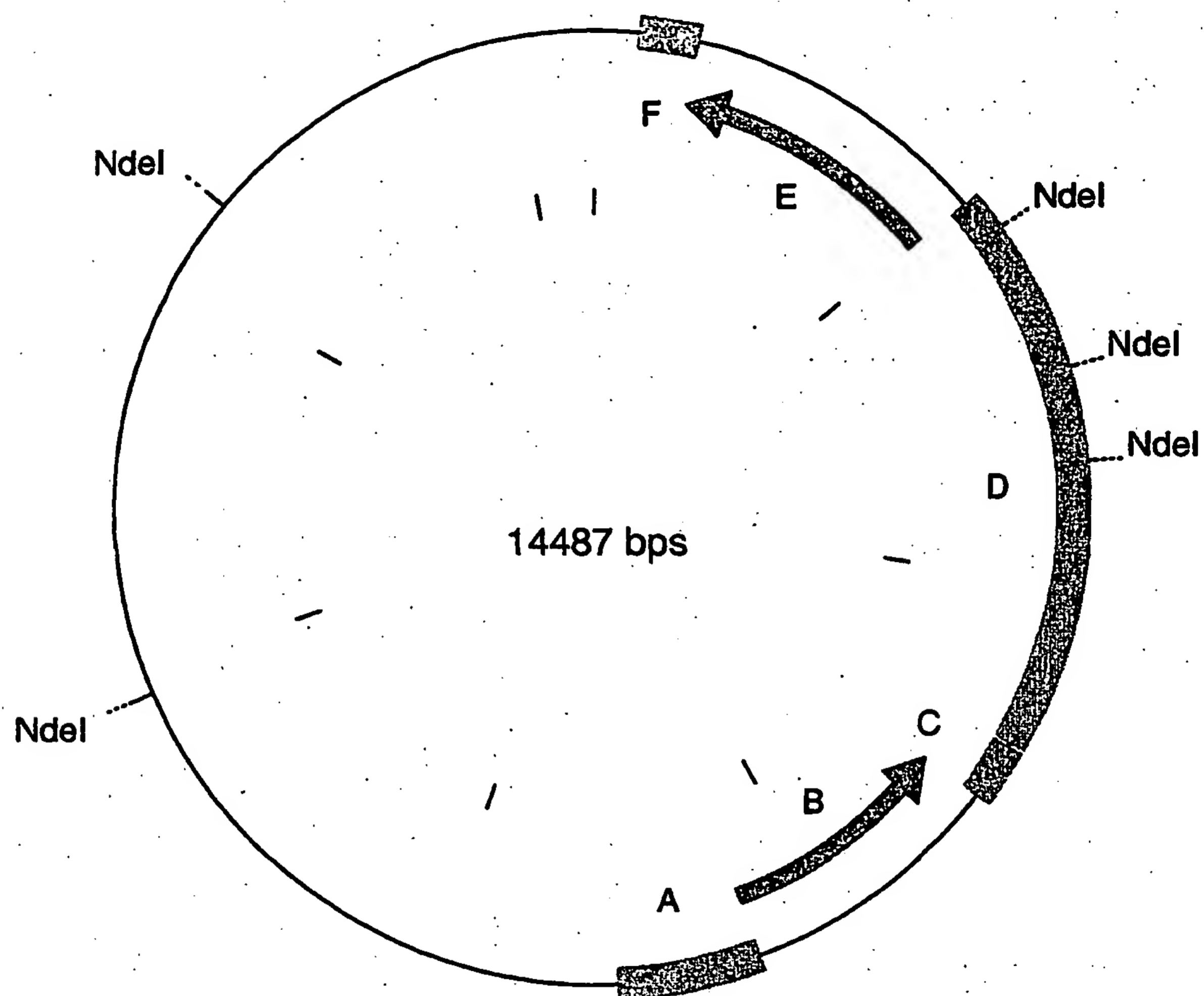


Abbildung 21: pSUN2-Leb4-NtGGPPOR-nosT-USPP-AtTATase5-nosT

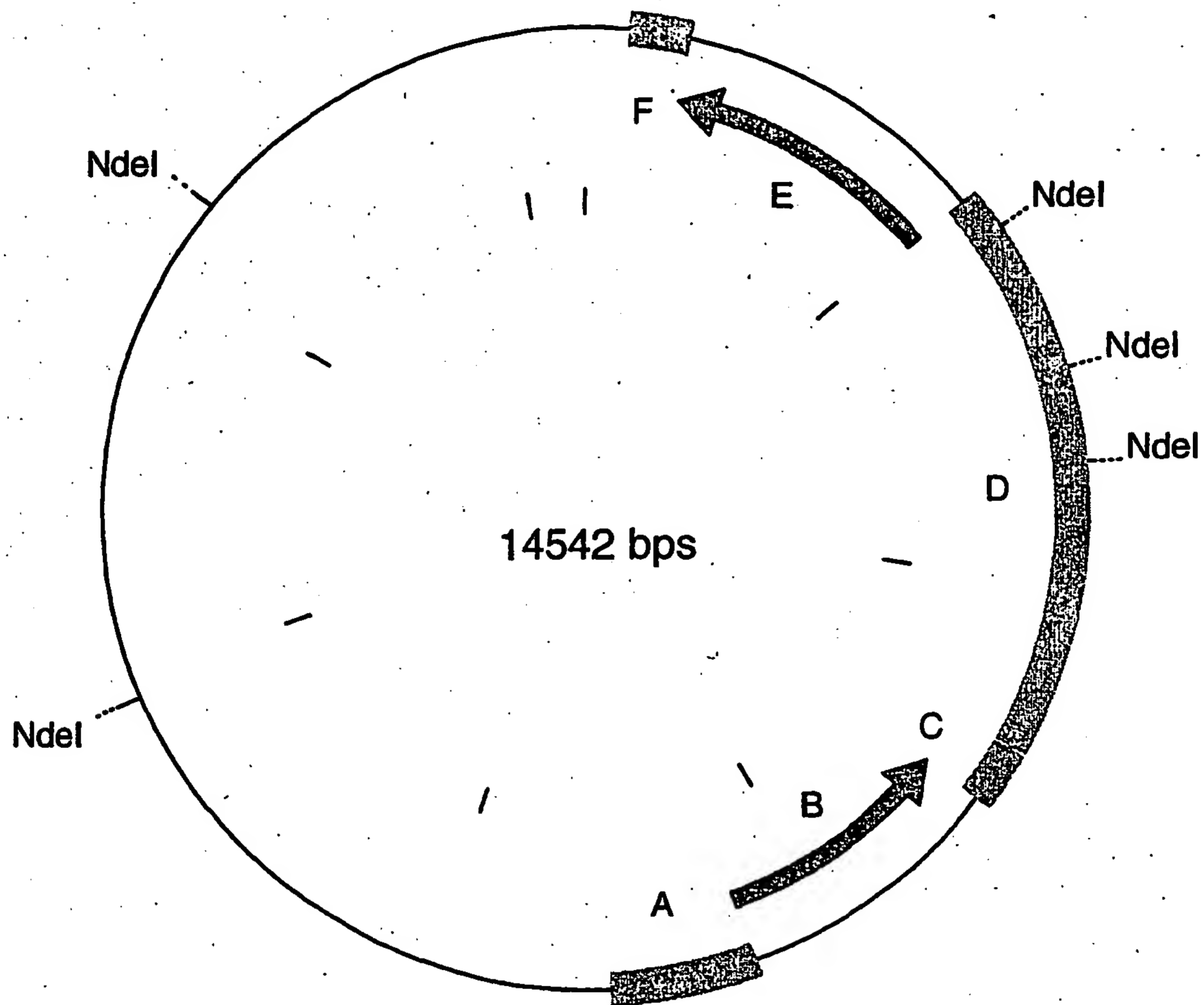


Abbildung 22: pSUN2-Leb4-NtGGPPOR-nost-USPP-AtTATase6-nost

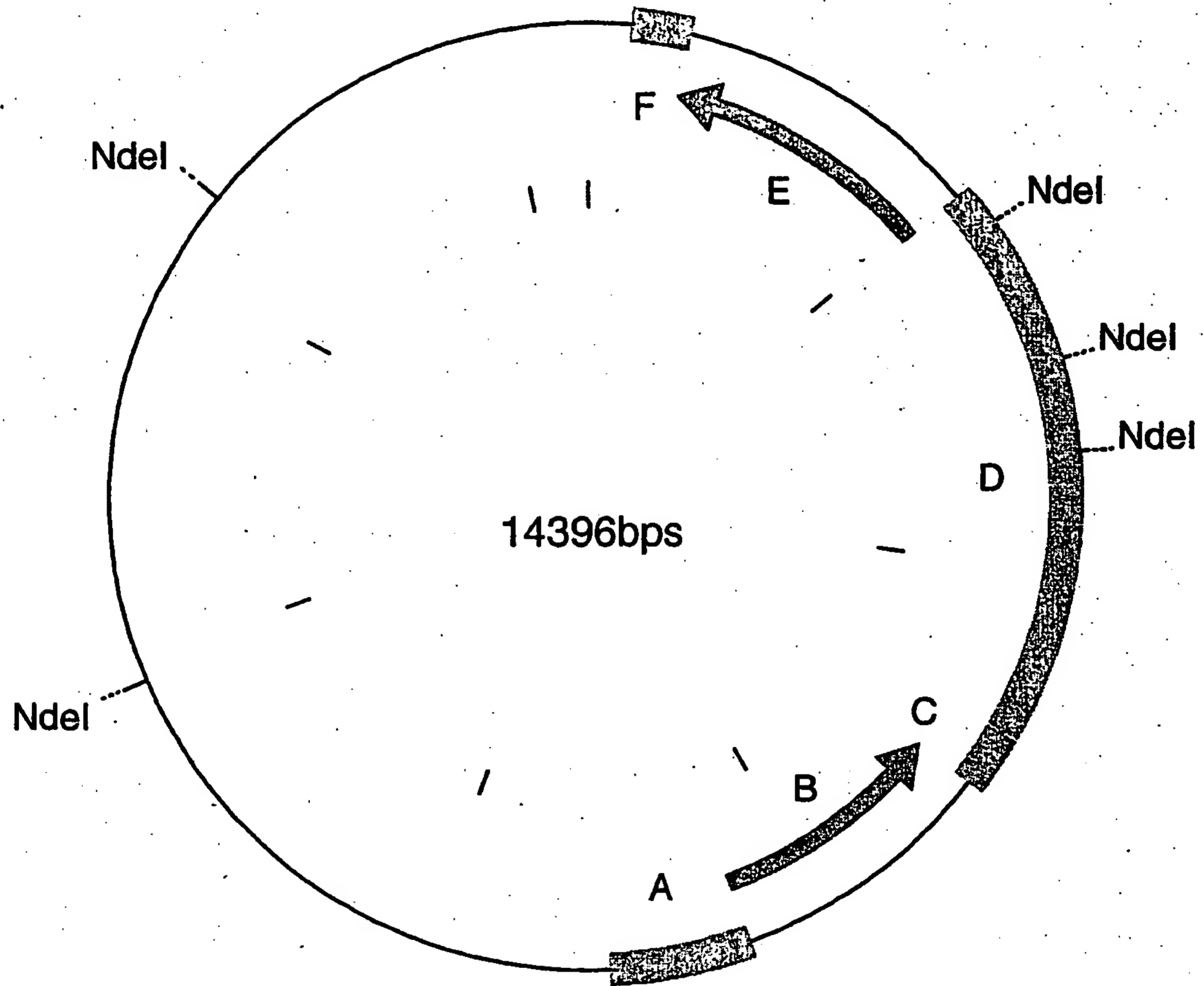


Abbildung 23: pSUN2-USP-AtHPPD-ocsT-USPP-rbcS-RnTATase-nost

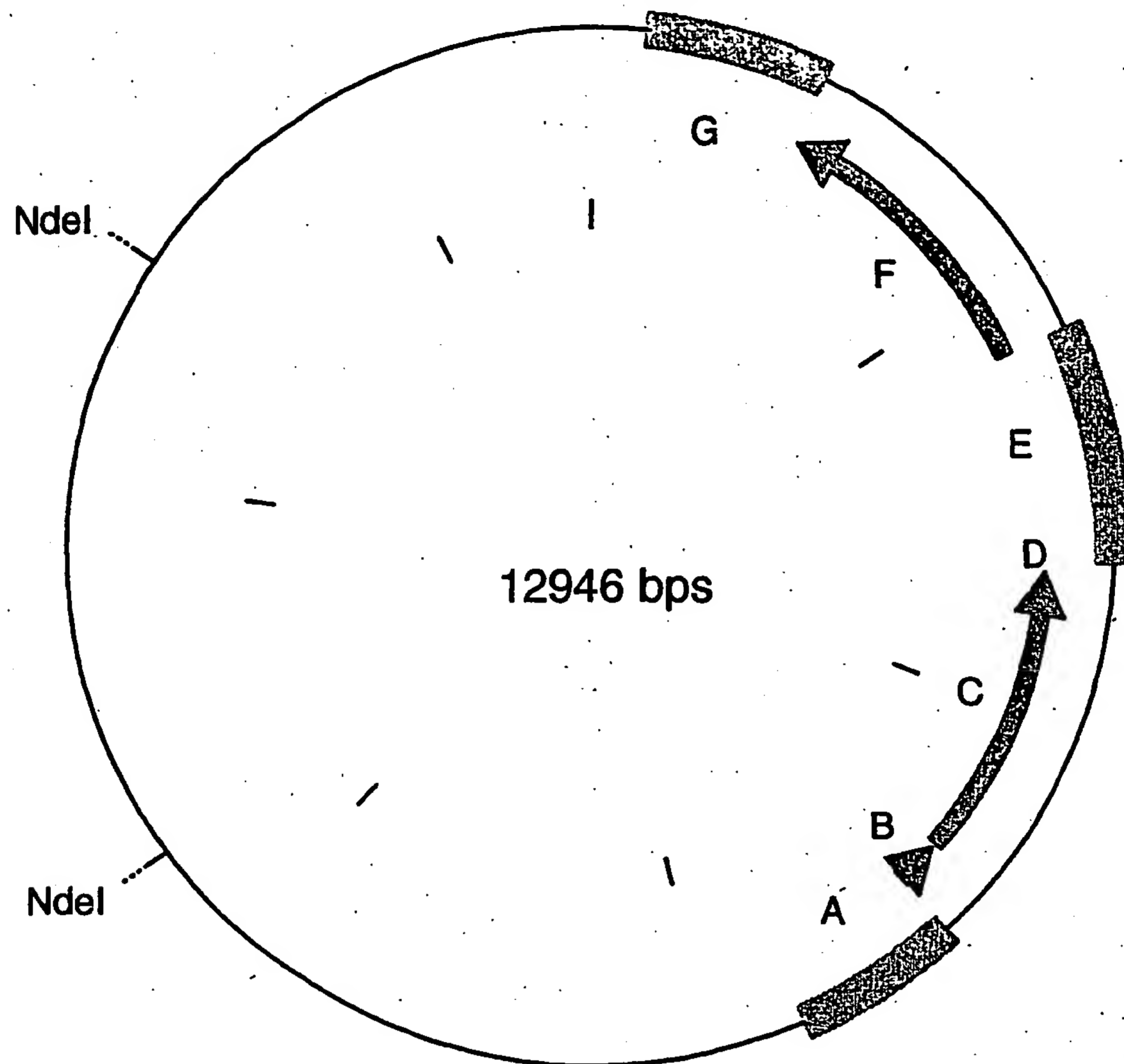
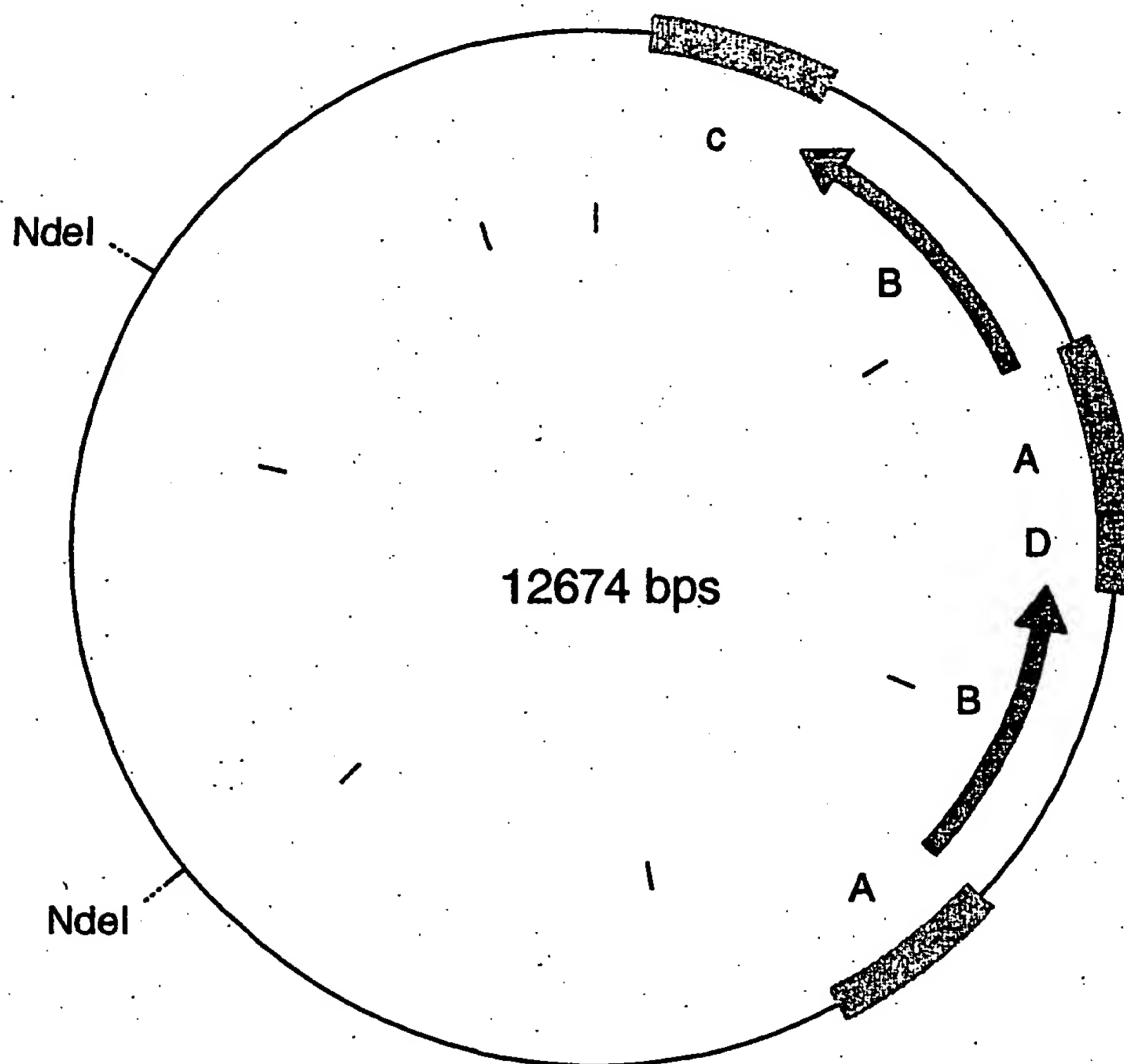
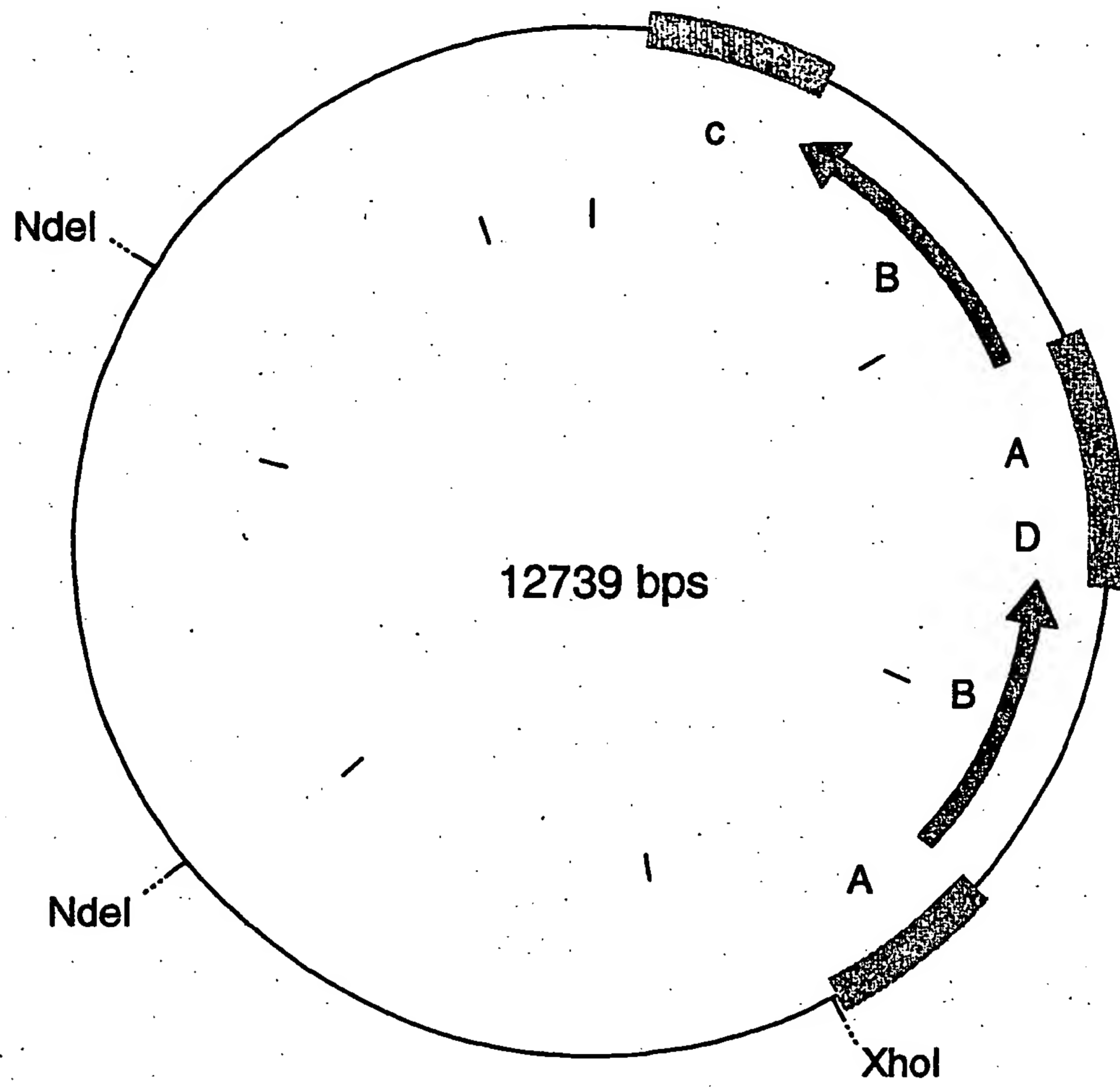


Abbildung 24: pSUN2-USP-AtHPPD-ocsT-USPP-AtTATase1-nost



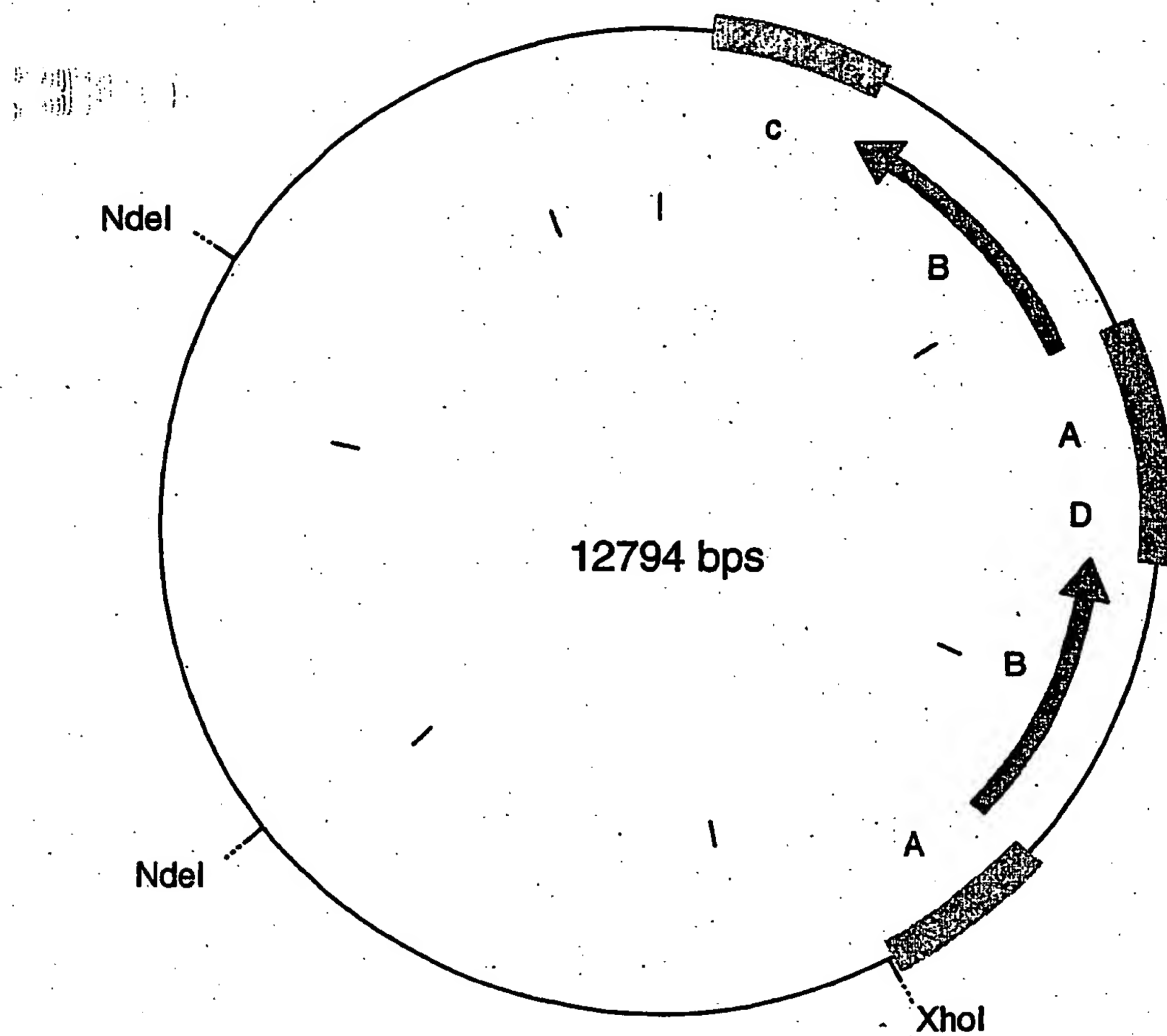
25/63

Abbildung 25: pSUN2-USP-AtHPPD-ocsT-USPP-AtTATase3-nost



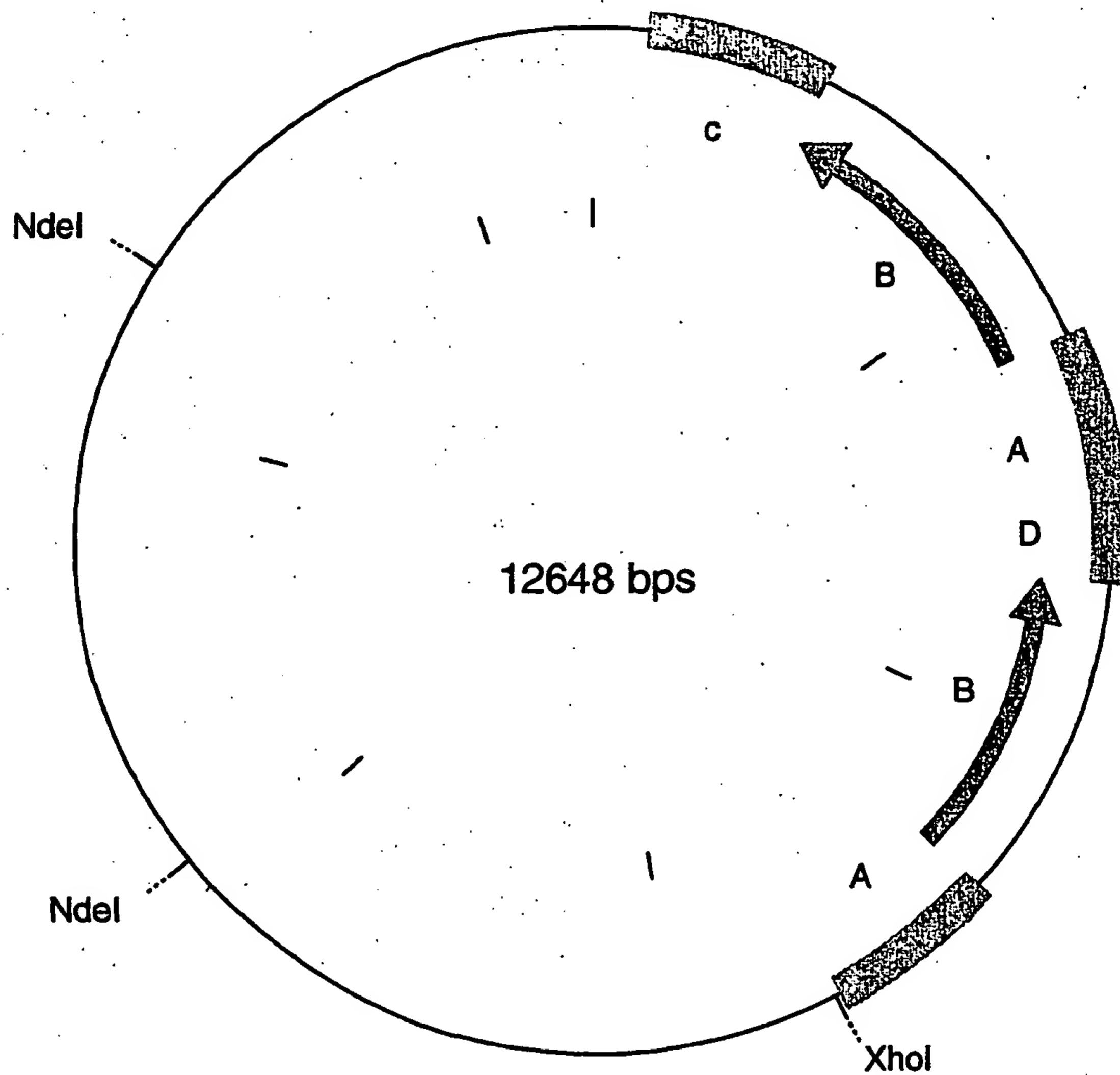
26/63

Abbildung 26: pSUN2-USP-AthPPD-ocst-USPP-AtTATase5-nost



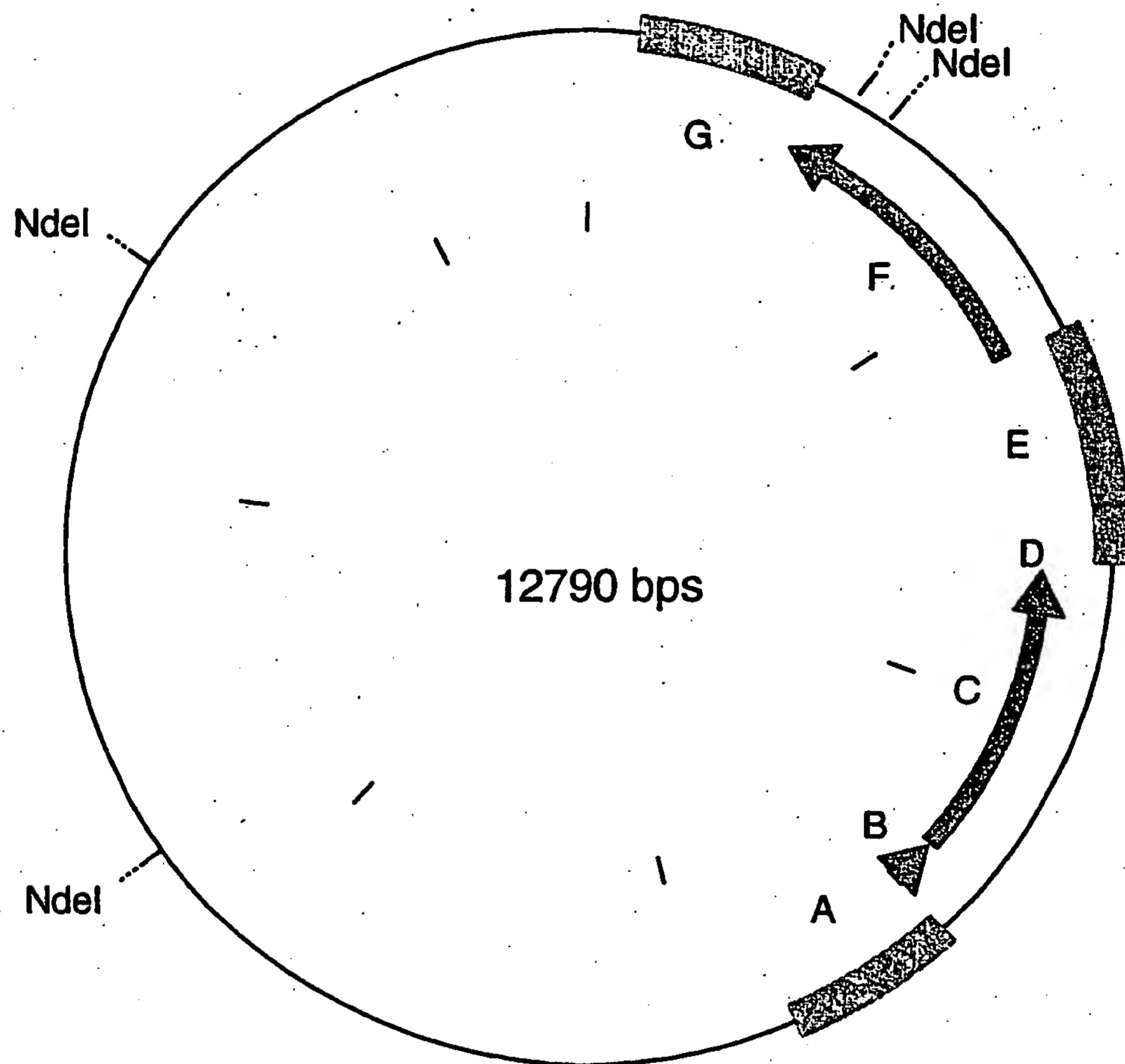
27/63

Abbildung 27: pSUN2-USP-AtHPPD-ocsT-USPP-AtTATase6-nosT



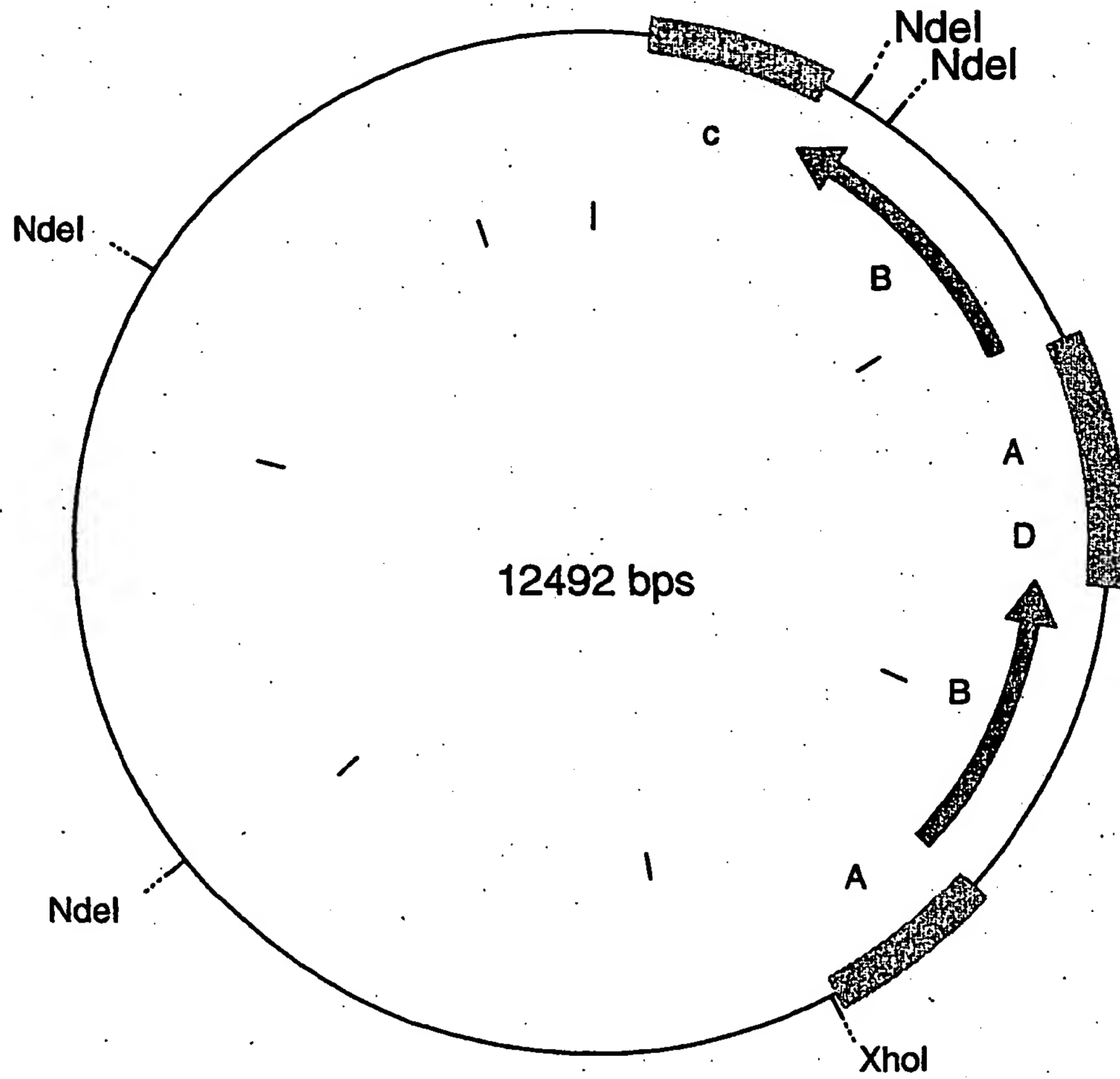
28/63

Abbildung 28: pSUN2-USP-AtHPT-ocsT-USPP-rbcS-RnTATase6-nost



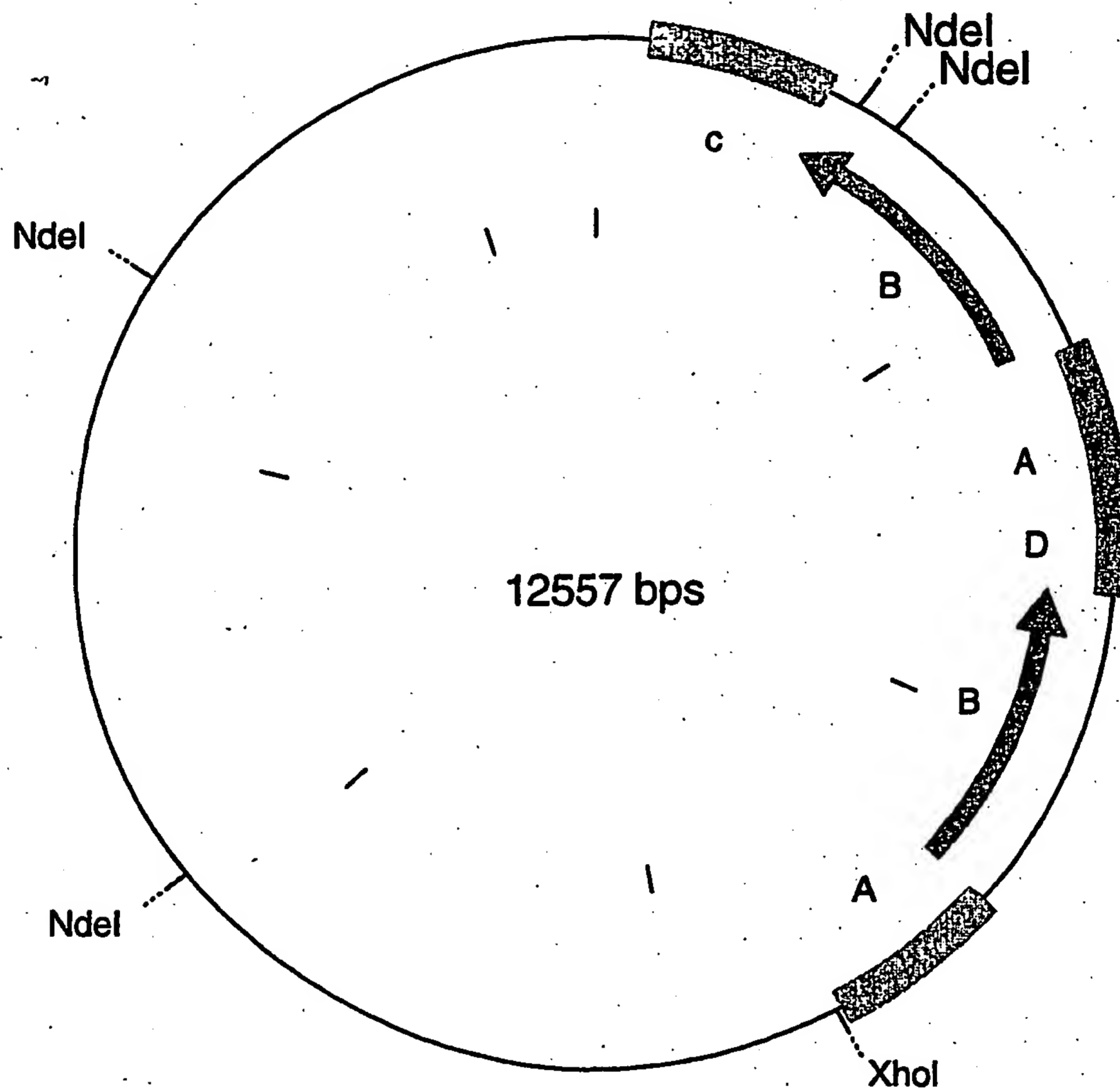
29/63

Abbildung 29: pSUN2-USP-AtHPT-ocsT-USPP-AtTATase1-nost



30/63

Abbildung 30: pSUN2-USP-AtHPT-ocsT-USPP-AtTATase3-nost



31/63

Abbildung 31: pSUN2-USP-AtHPT-ocsT-USPP-AtTATase5-nost

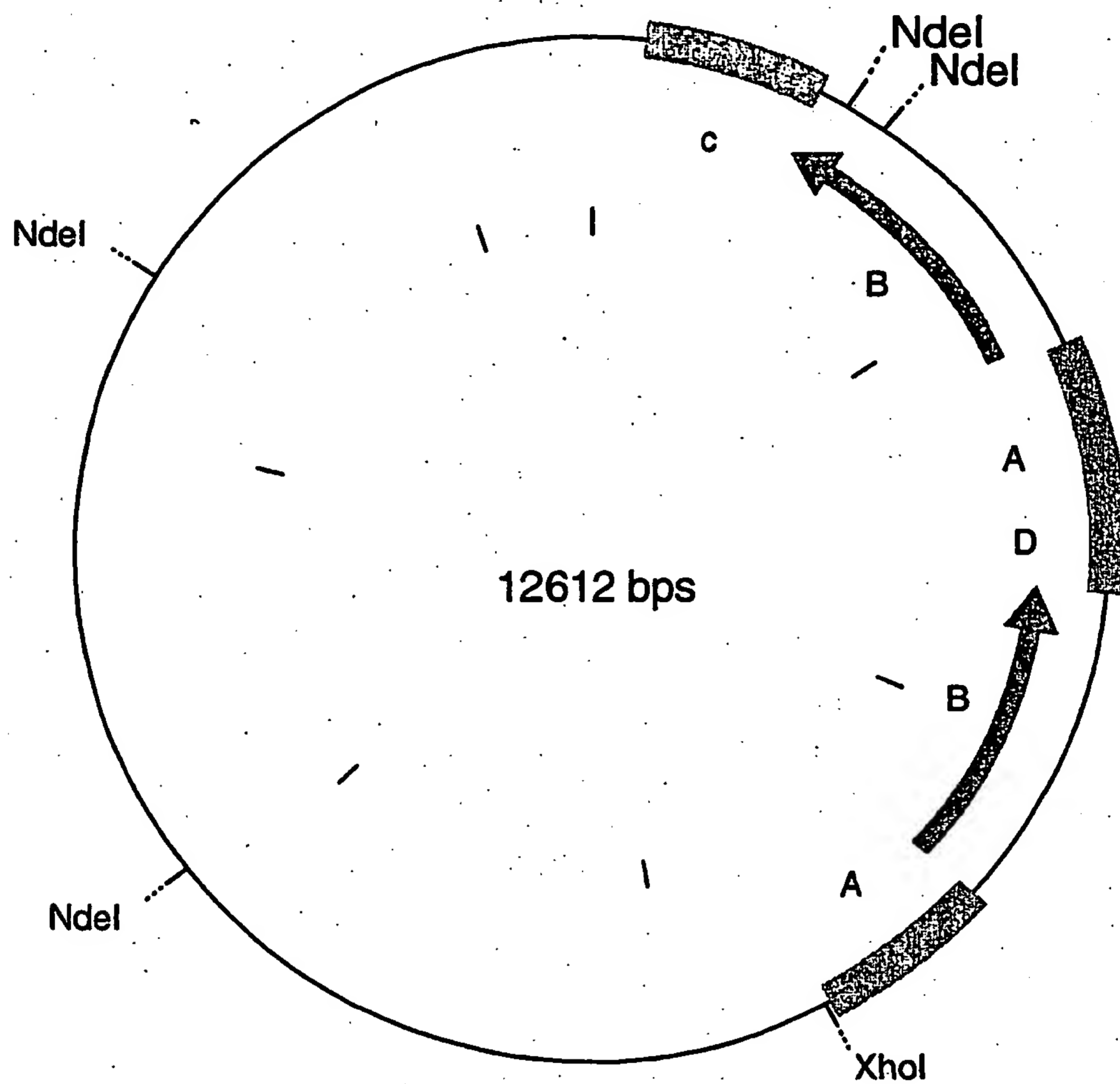
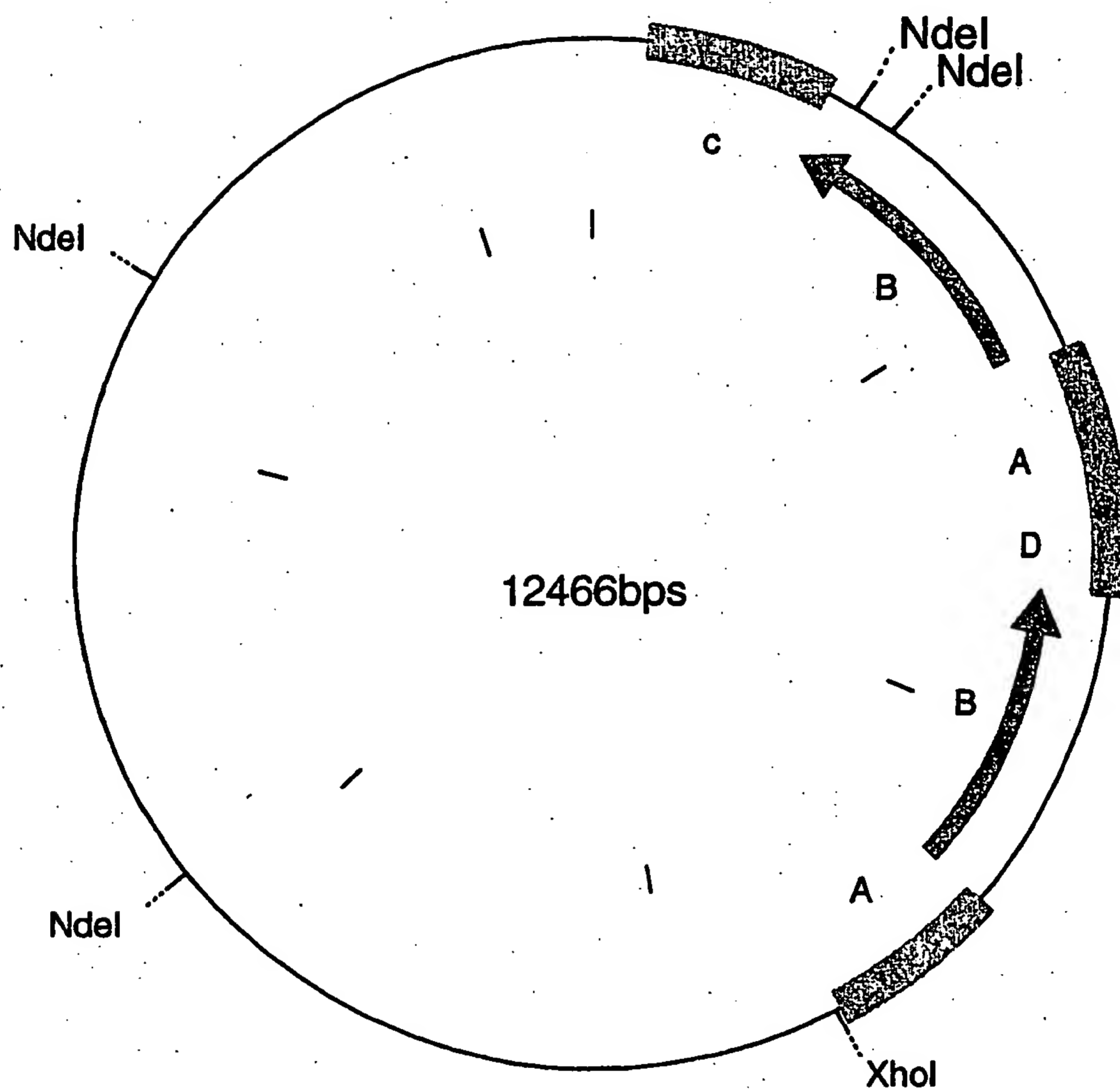


Abbildung 32: pSUN2-USP-AtHPT-ocsT-USPP-AtTATase6-nost



33/63

Abbildung 33: pSUN2-Leb4-IPP-SynMT1-nost-USPP-rbcS-RnTATase-nost

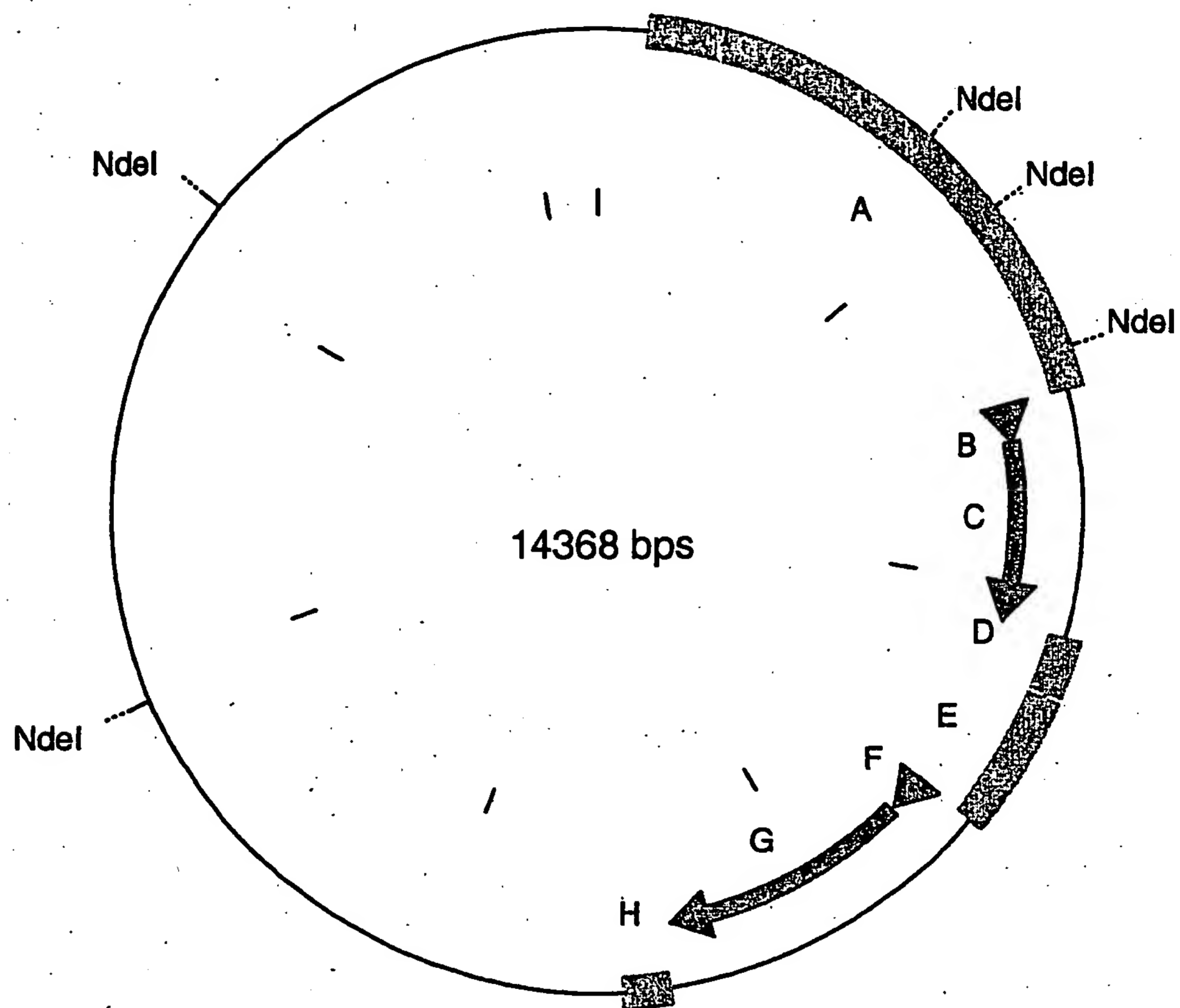
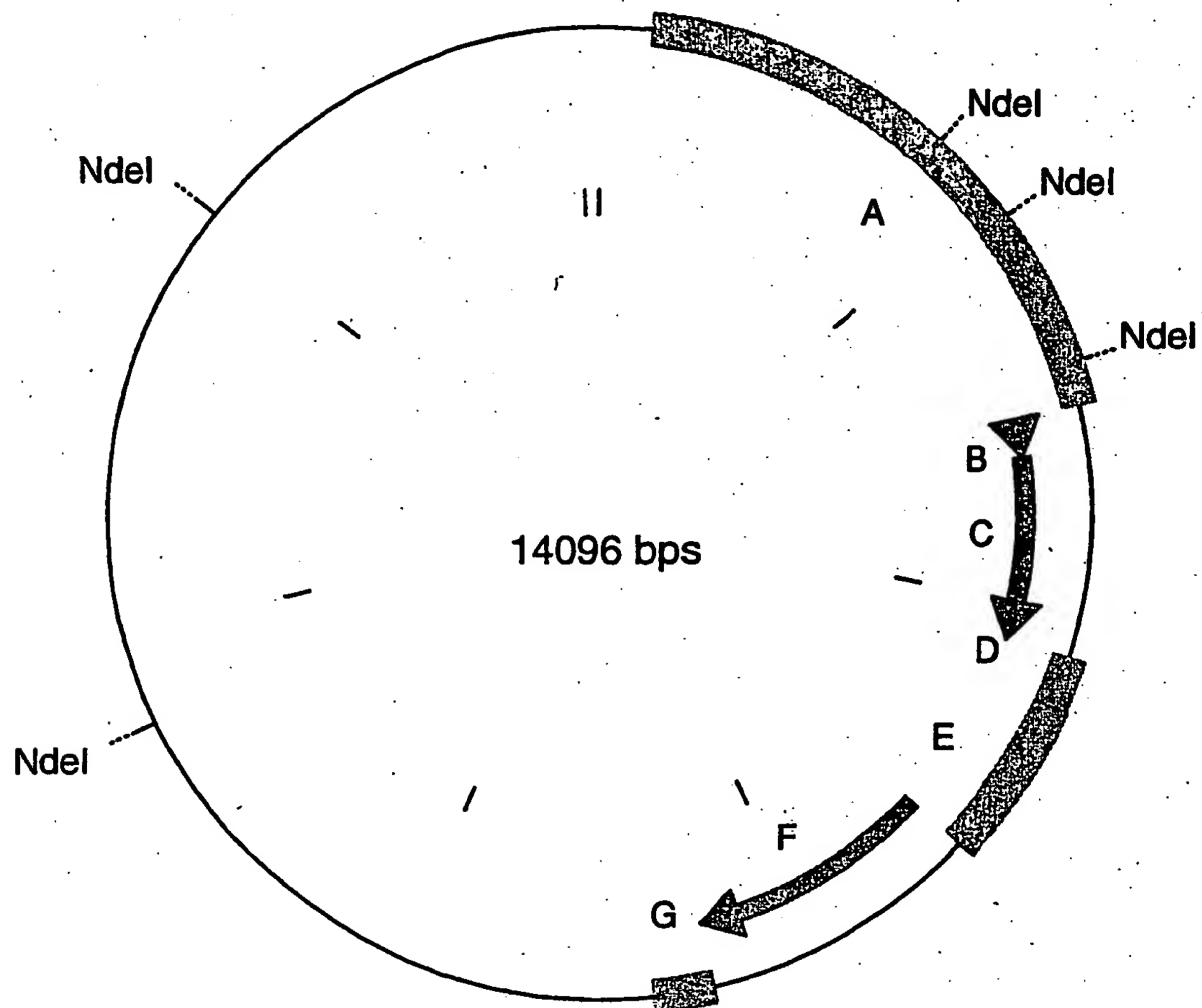
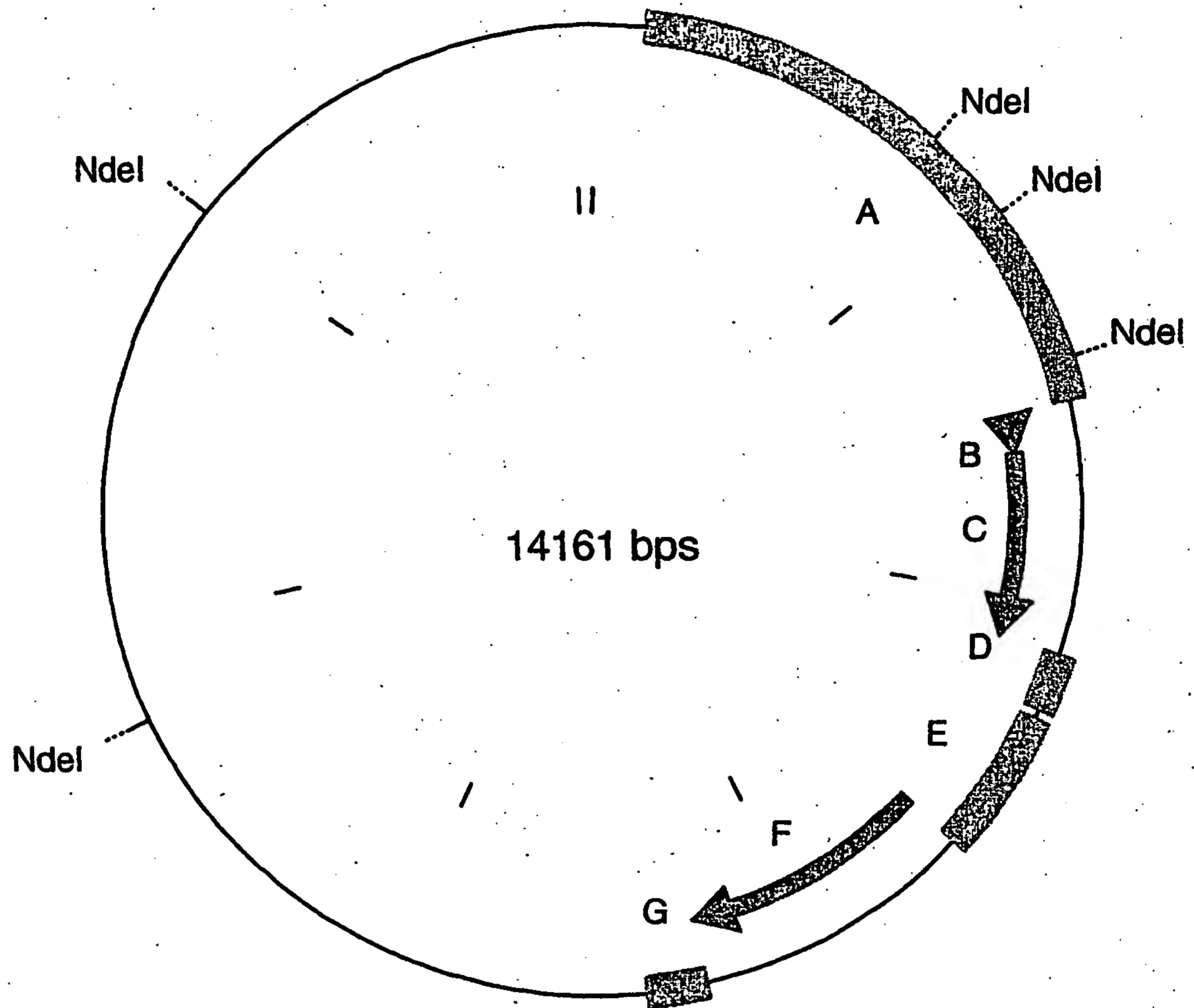


Abbildung 34: pSUN2-Leb4-IPP-SynMT1-nost-USPP-AtTATase1-nost



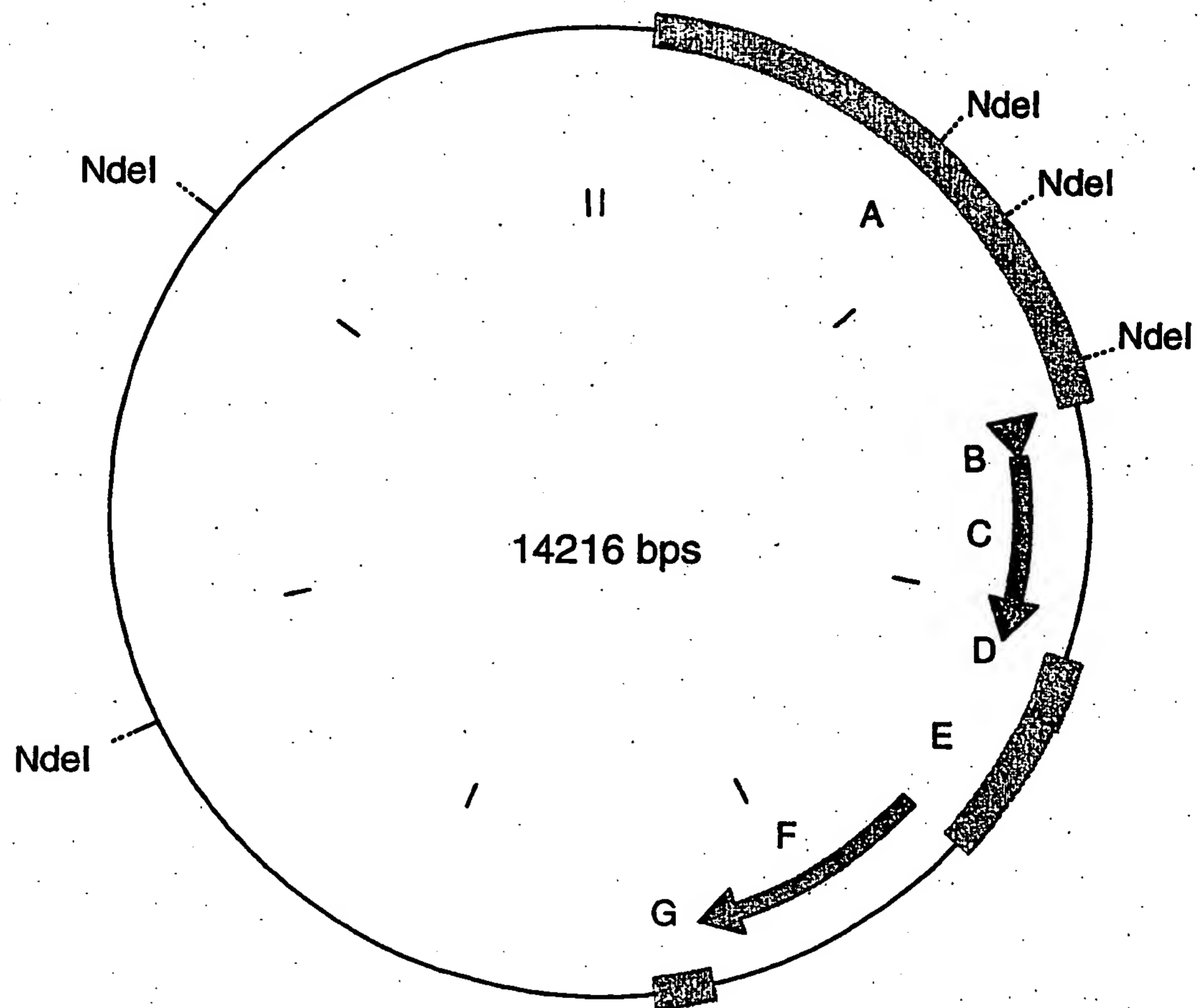
35/63

Abbildung 35: pSUN2-Leb4-IPP-SynMT1-nost-USPP-AtTATase3-nost



36/63

Abbildung 36: pSUN2-Leb4-IPP-SynMT1-nosT-USPP-AtTATase5-nosT



37/63

Abbildung 37: pSUN2-Leb4-IPP-SynMT1-nost-USPP-AtTATase6-nost

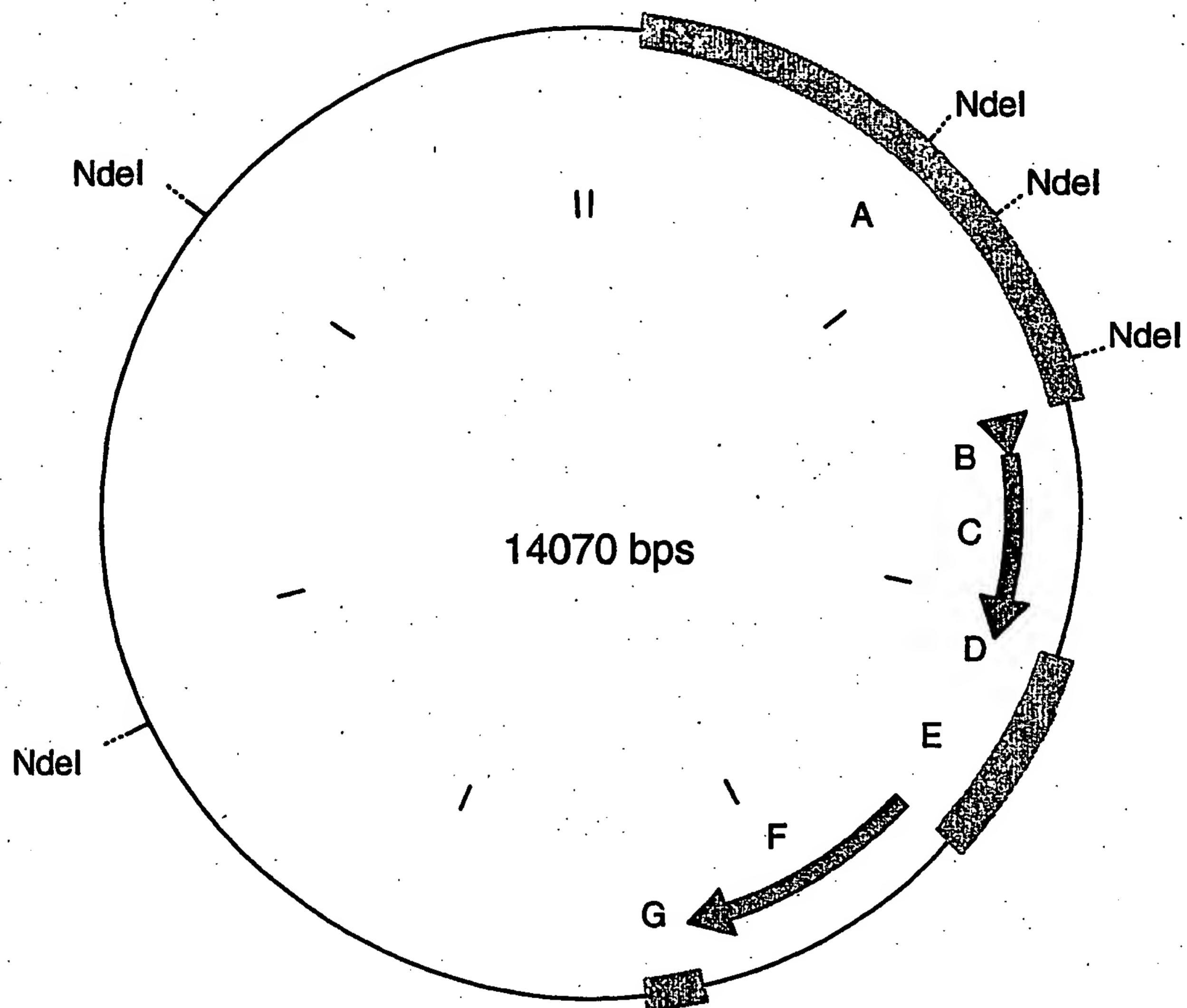
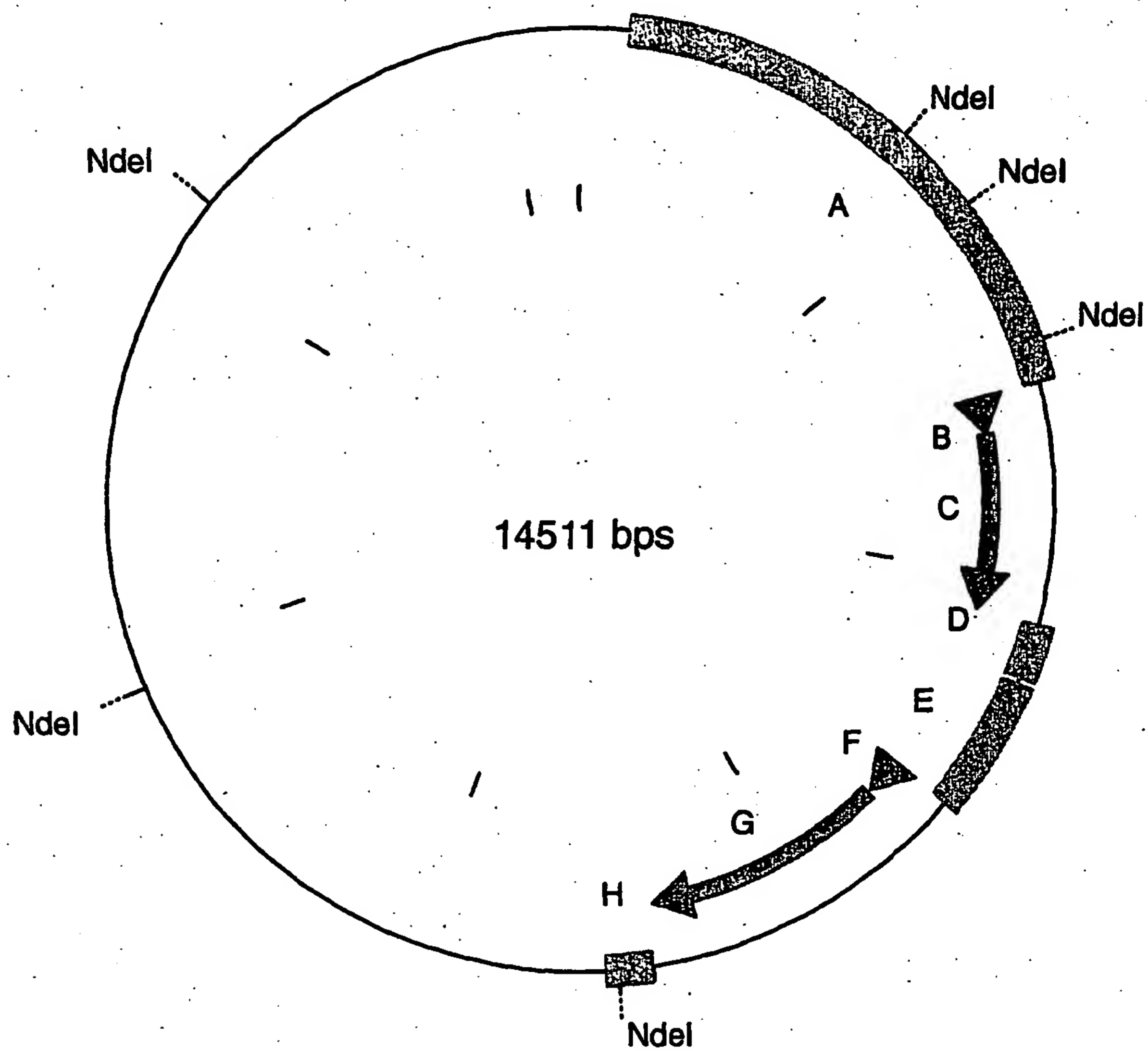


Abbildung 38: pSUN2-Leb4-IPP-SynCyc-nost-USPP-rbcS-RnTA-Tase-nost



39/63

Abbildung 39: pSUN2-Leb4-IPP-SynCyc-nosT-USPP-AtTATase1-nosT

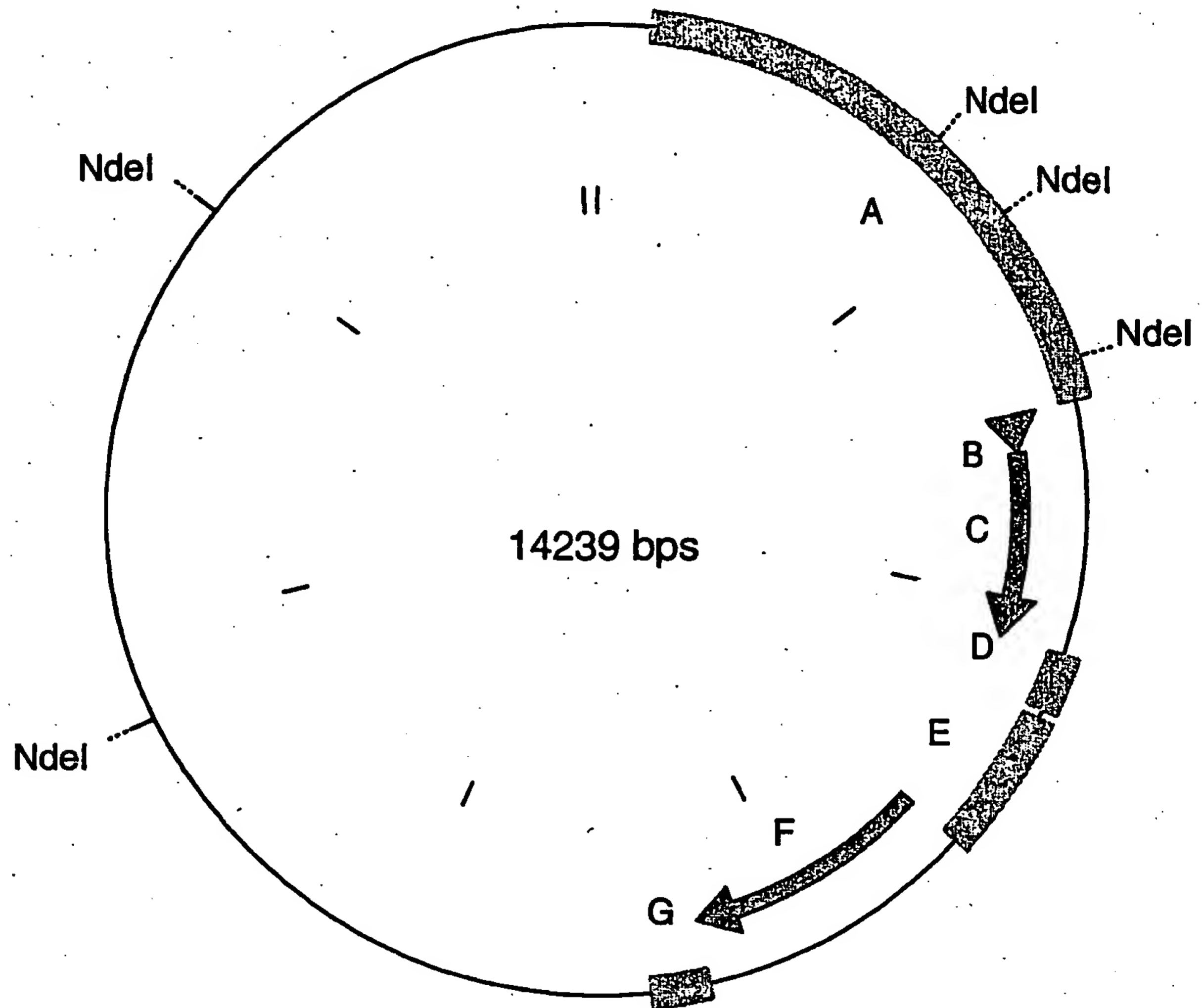
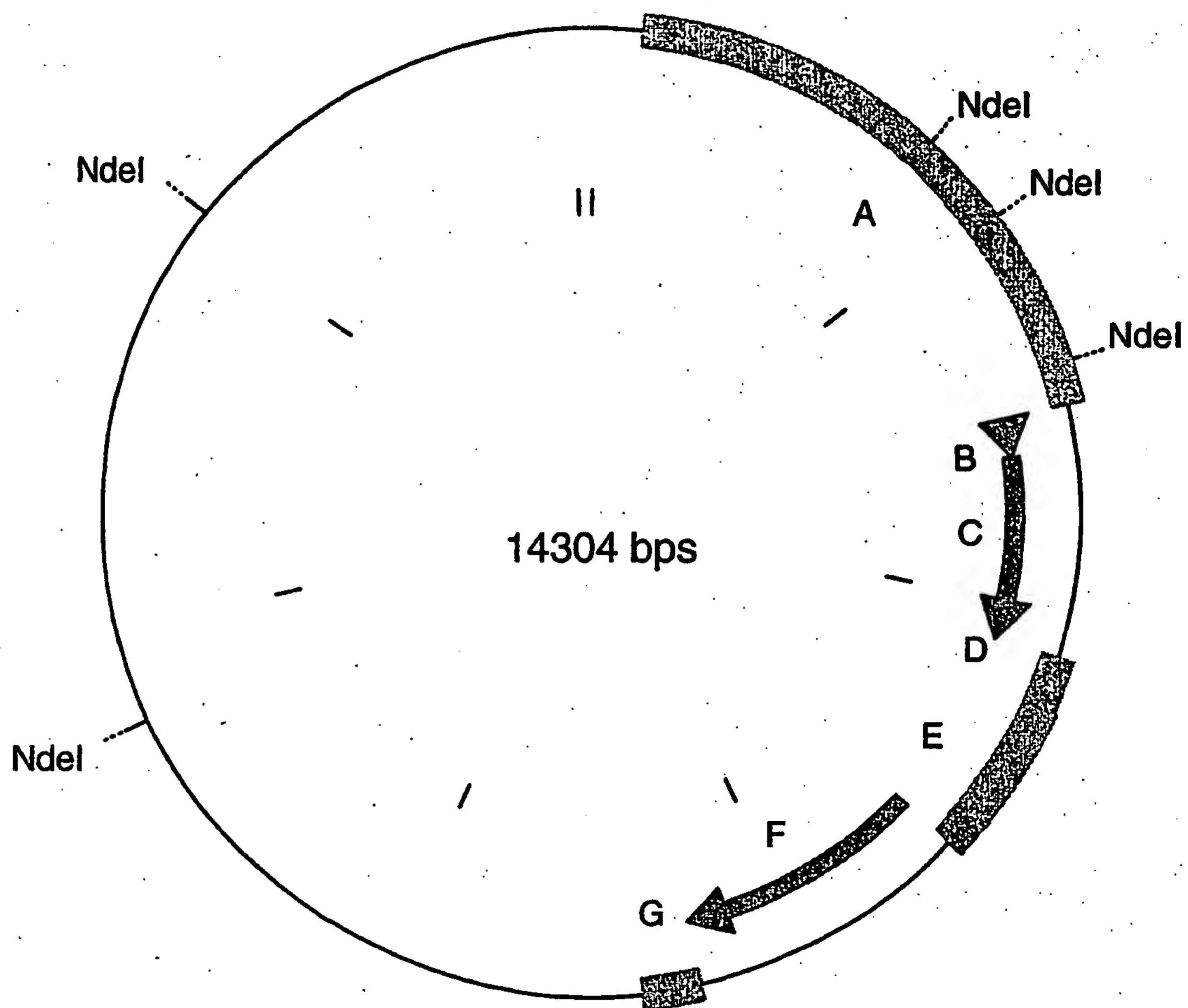


Abbildung 40: pSUN2-Leb4-IPP-SynCyc-nost-USPP-AtTATase3-nost



41/63

Abbildung 41: pSUN2-Leb4-IPP-SynCyc-nost-USPP-AtTATase5-nost

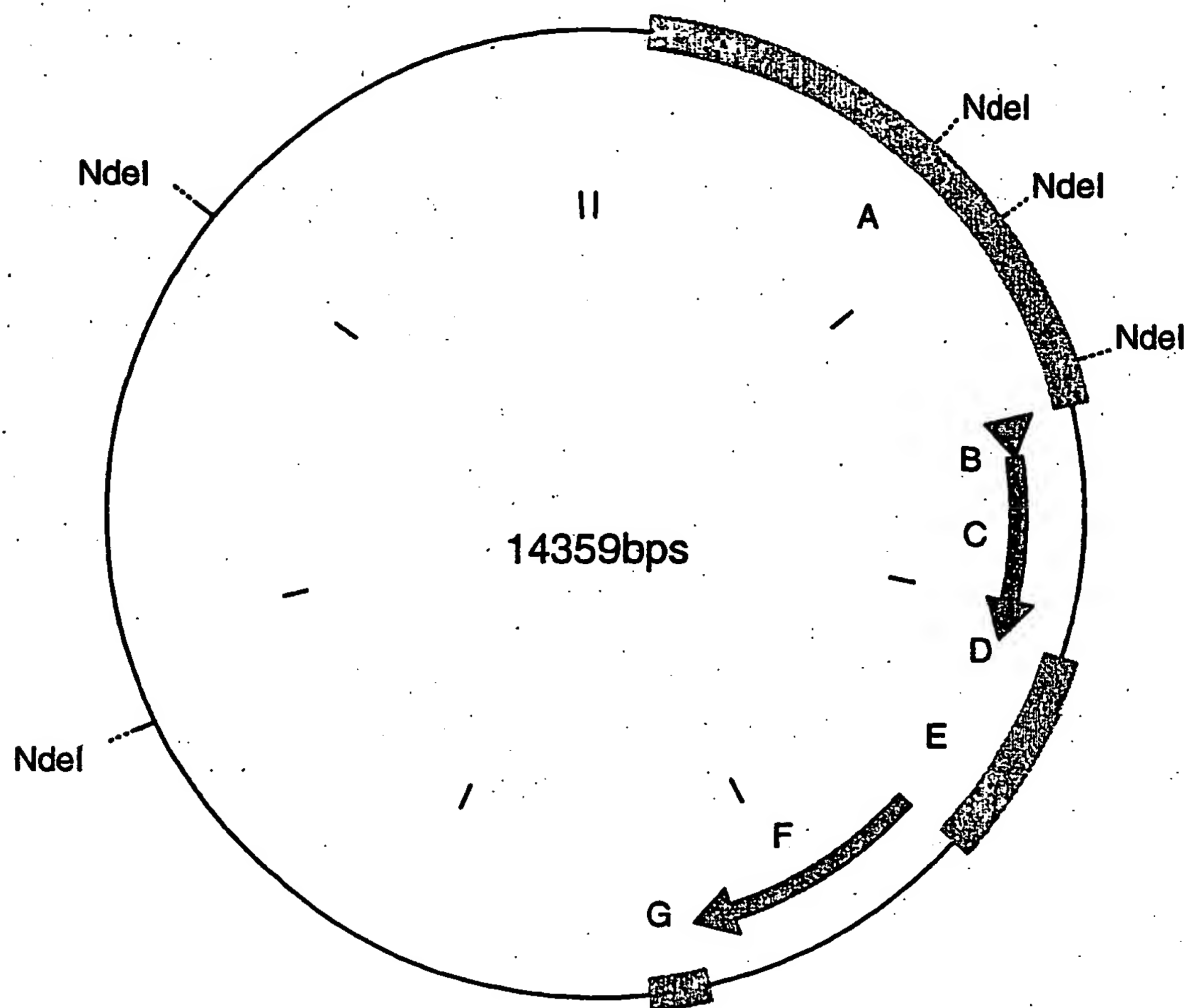


Abbildung 42: pSUN2-Leb4-IPP-SynCyc-nost-USPP-AtTATase6-nost

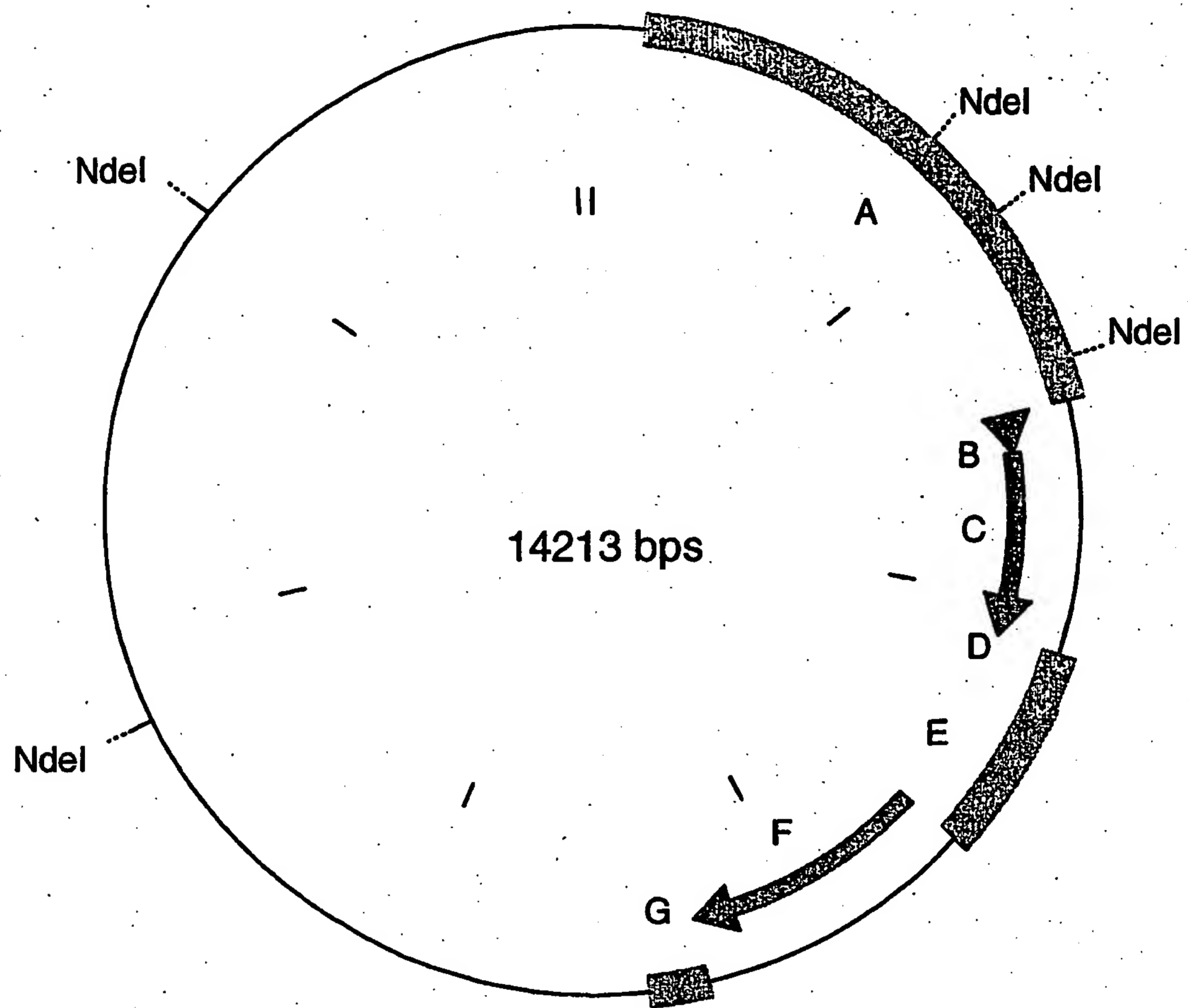


Abbildung 43: pSUN2-SBPP-AtγTMT-nost-USPP-rbcS-RnTATase-nost

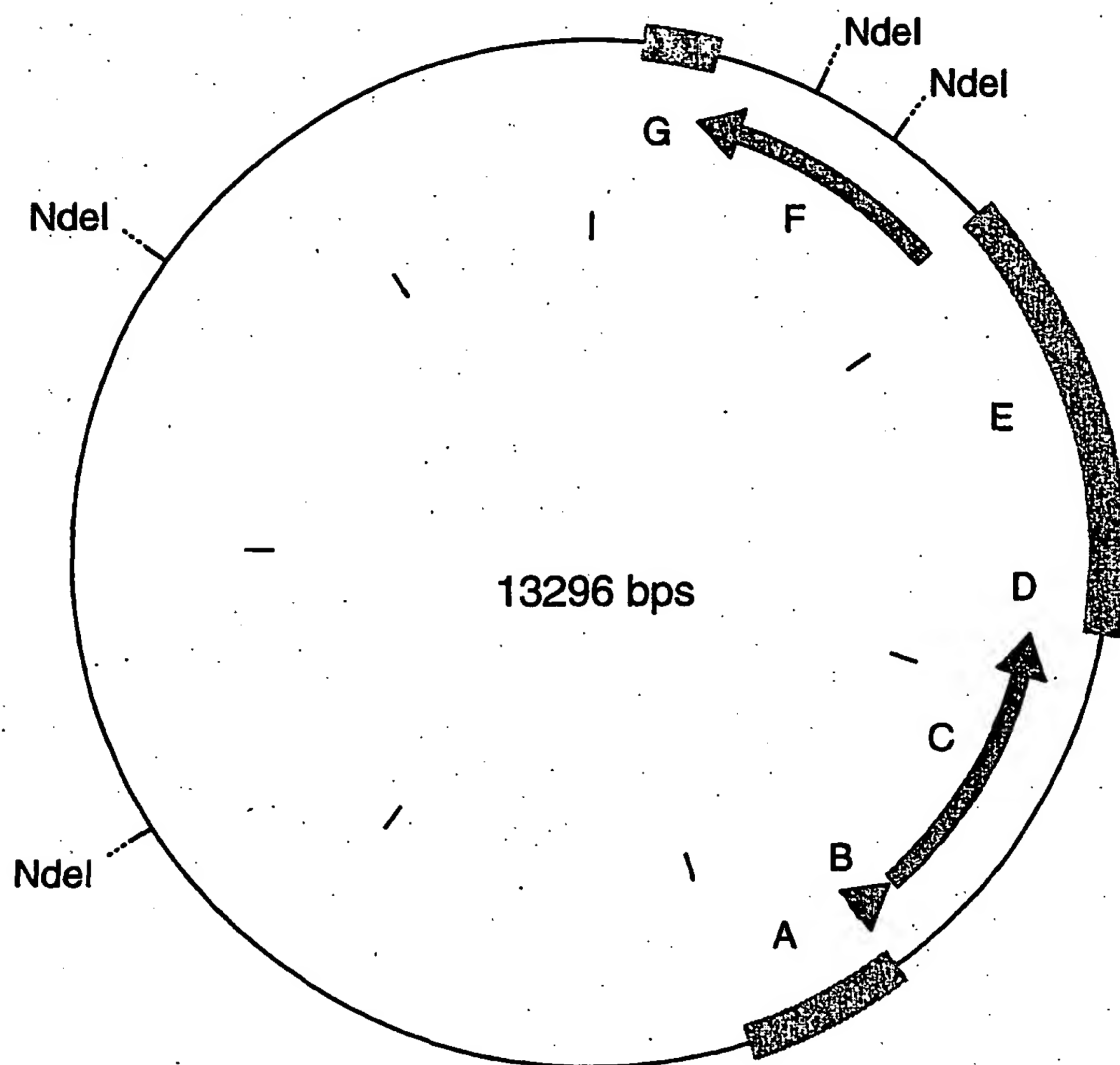
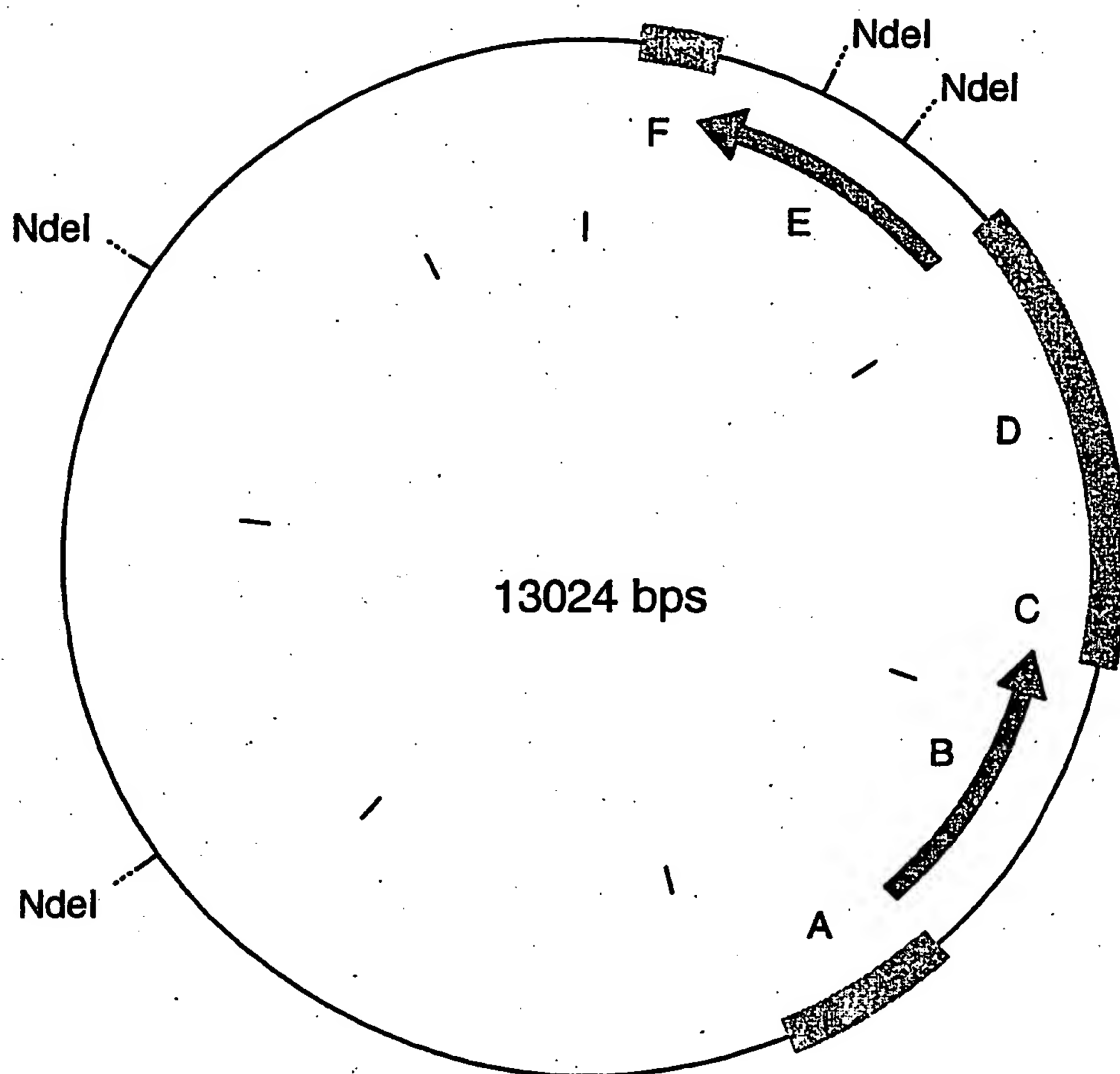
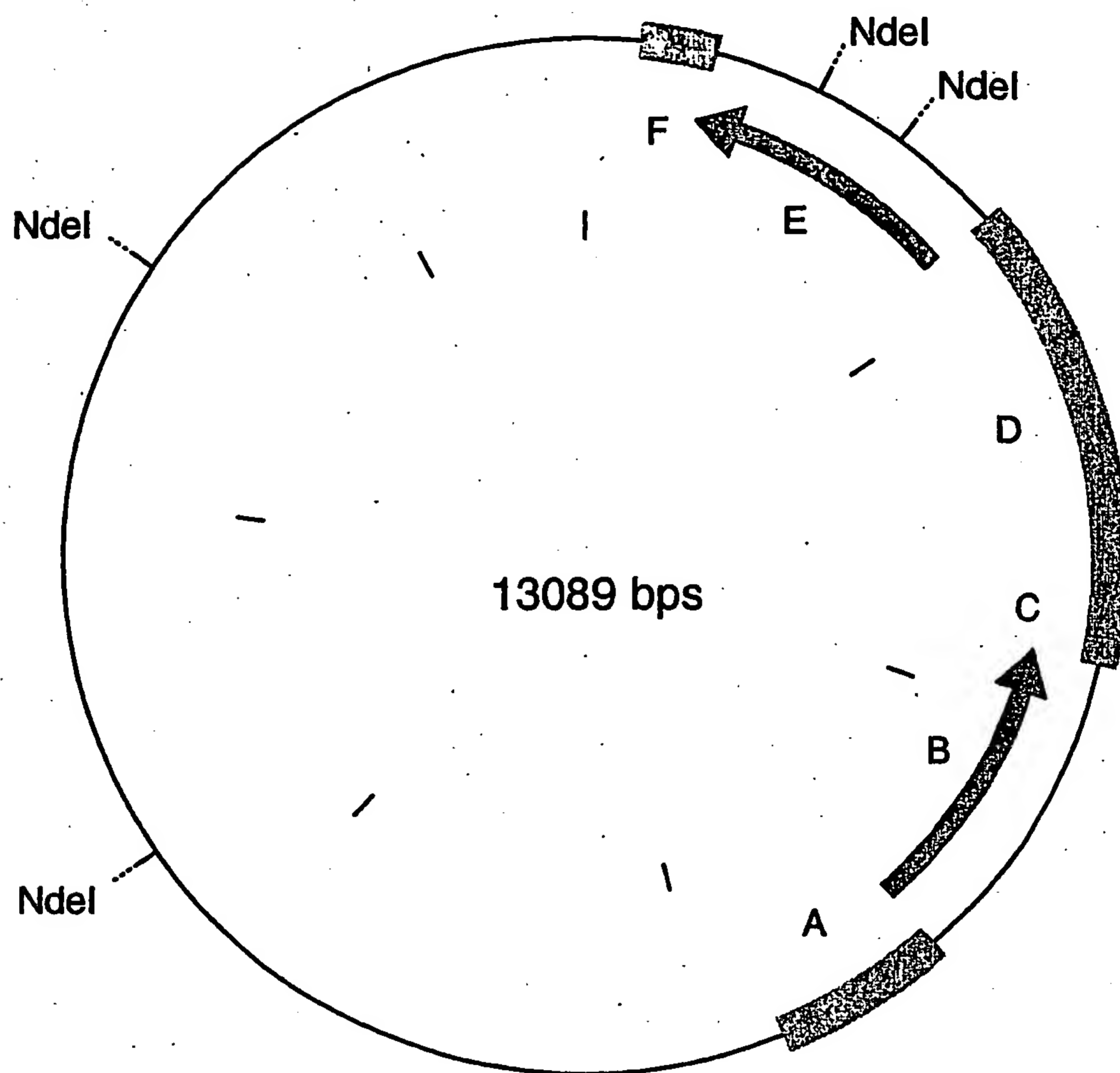


Abbildung 44: pSUN2-SBP-AtγTMT-nost-USPP-AtTATase1-nost



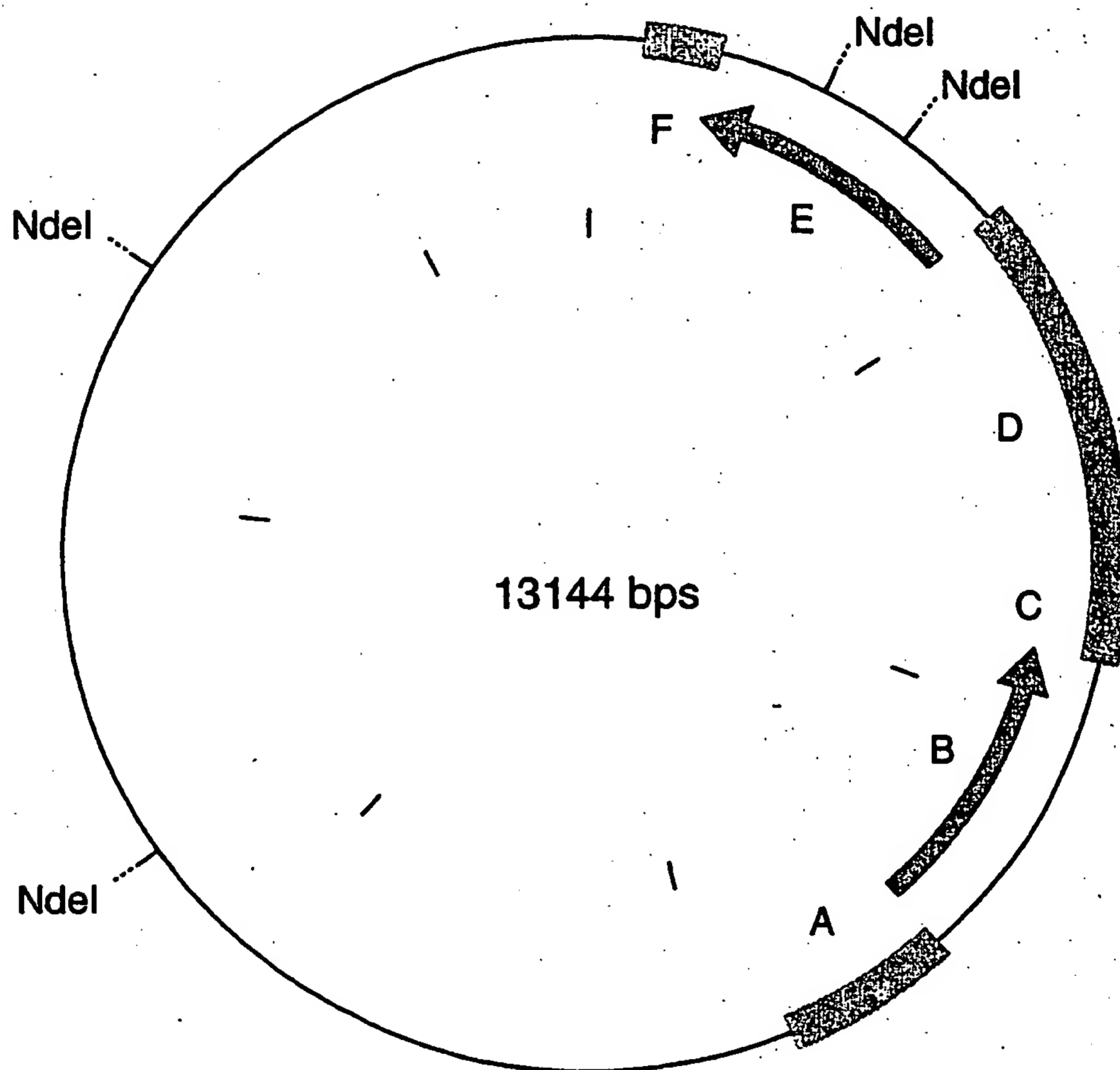
45/63

Abbildung 45: pSUN2-SBP-AtTMT-nosT-USPP-AtTATase3-nosT



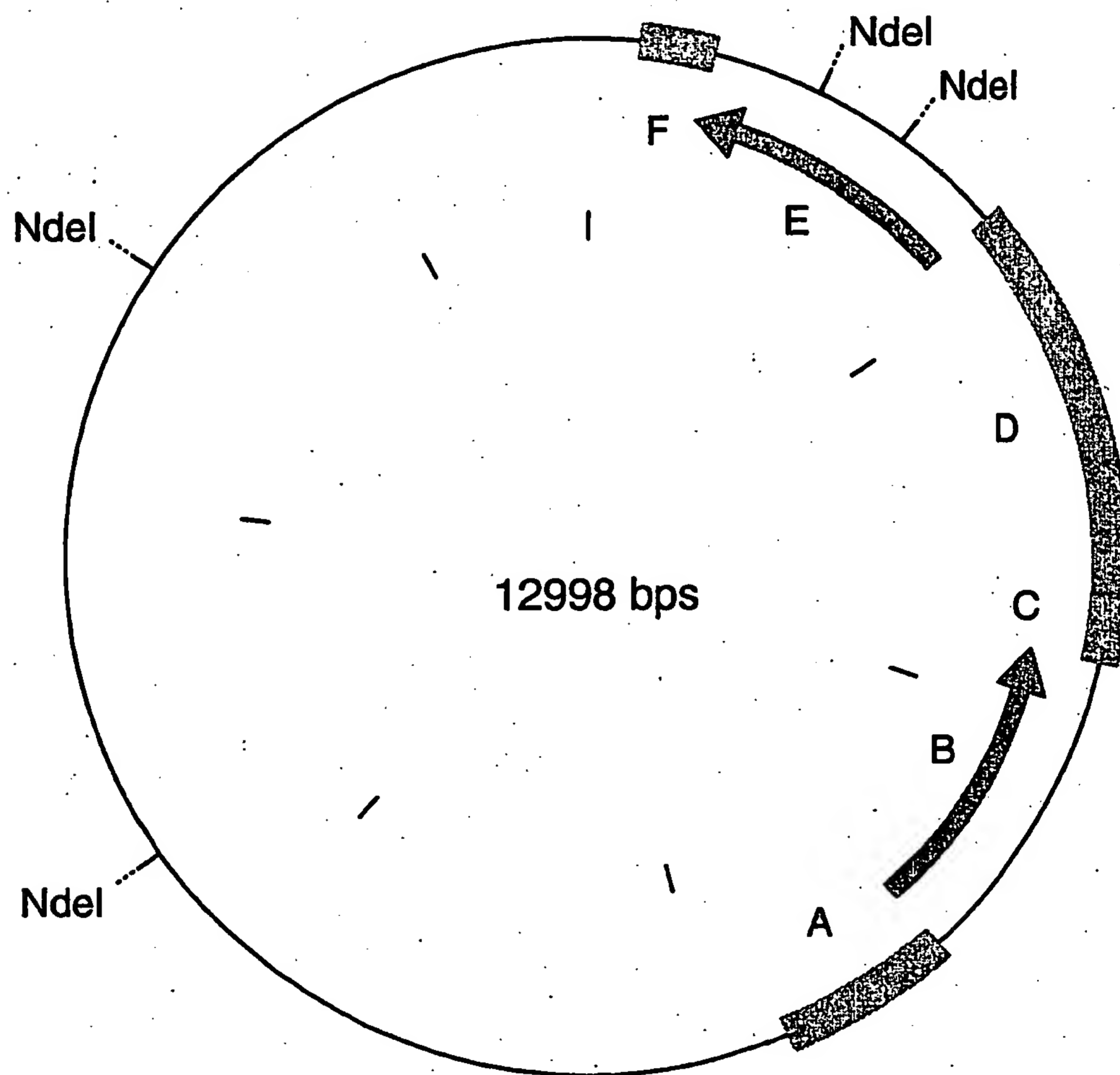
46/63

Abbildung 46: pSUN2-SBP-AtγTMT-nost-USPP-AtTATase5-nost



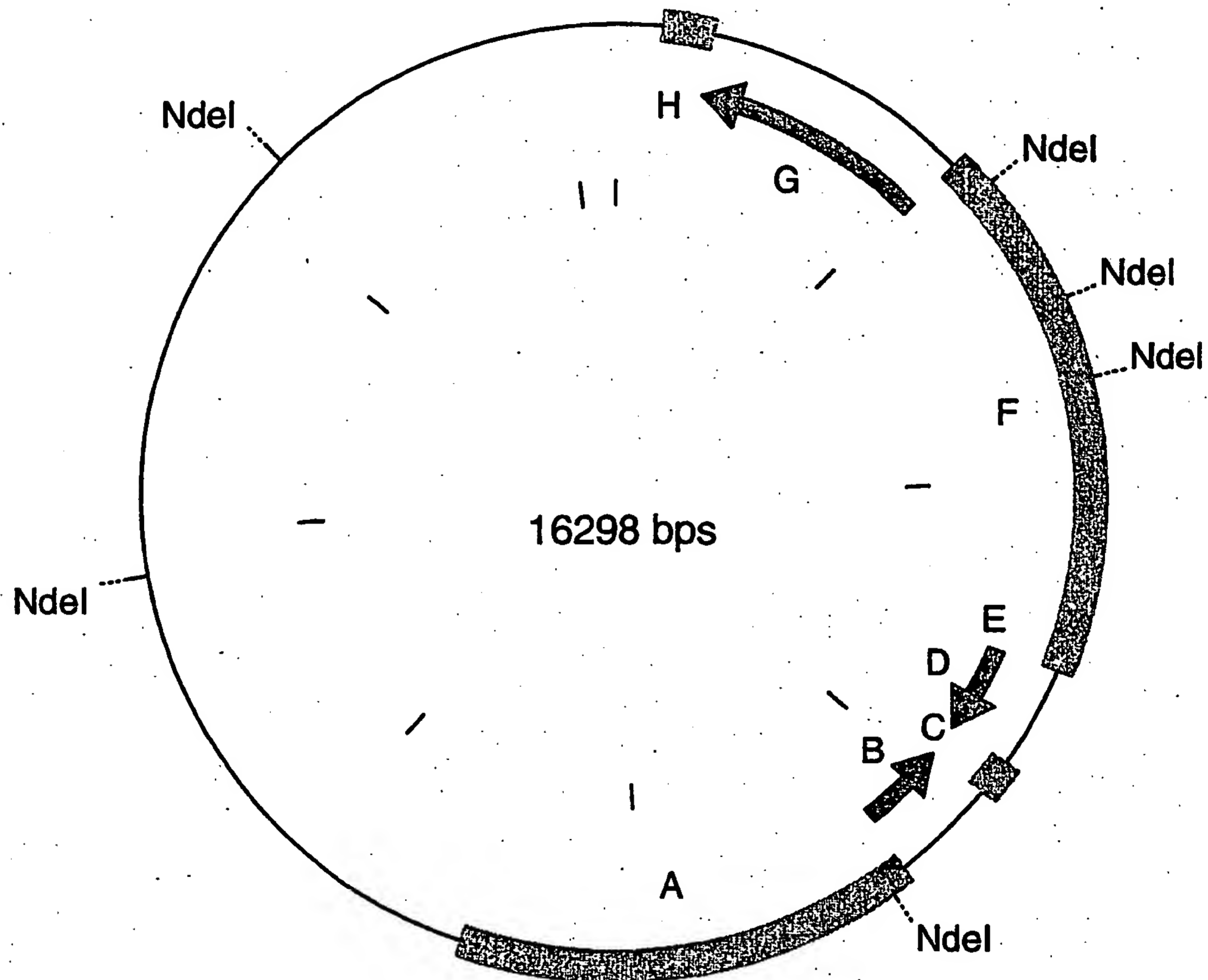
47/63

Abbildung 47: pSUN2-SBP-AtγTMT-nosT-USPP-AtTATase6-nosT



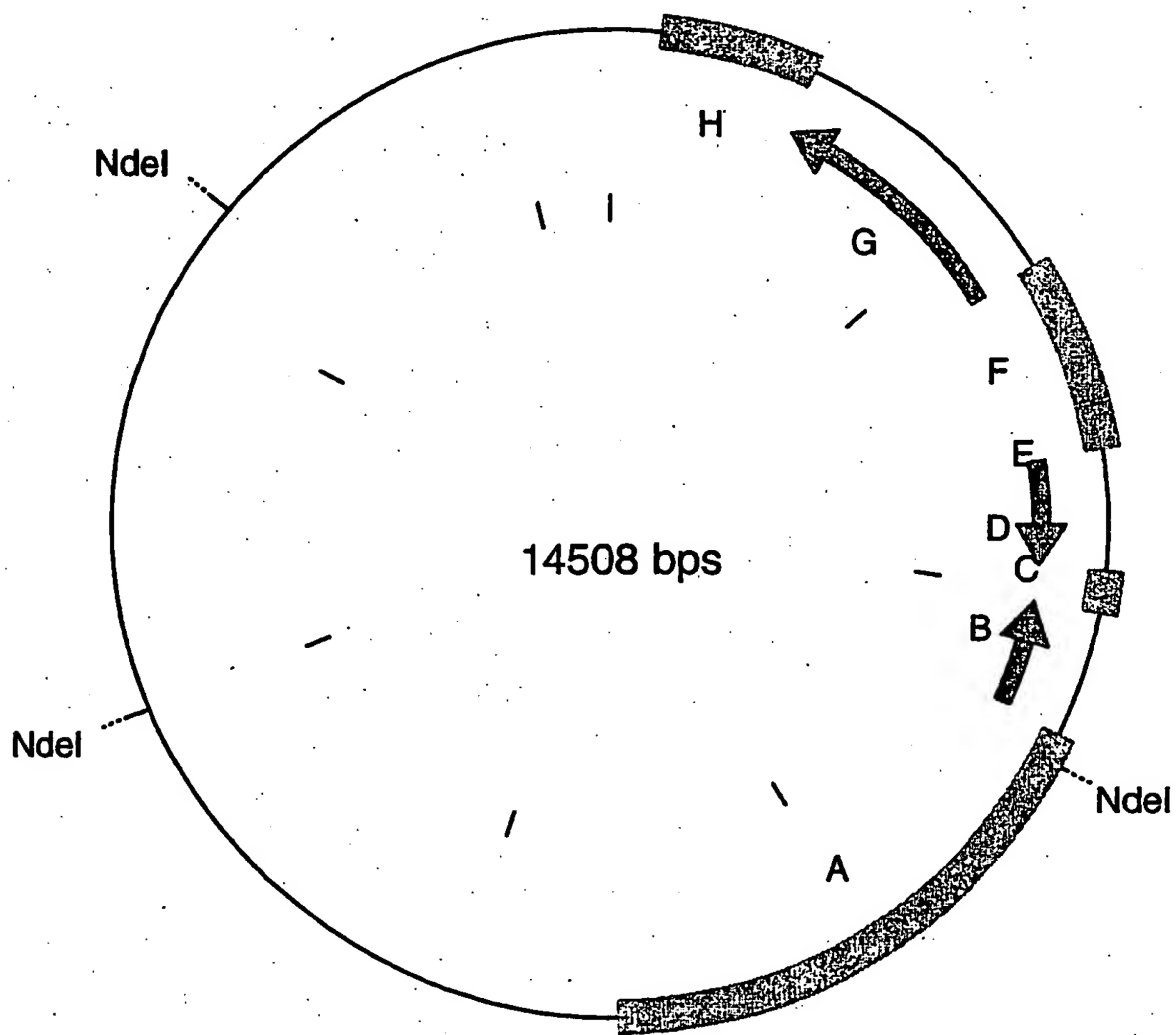
## Abbildung 48:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-LeB4-NtGGPPOR-nost



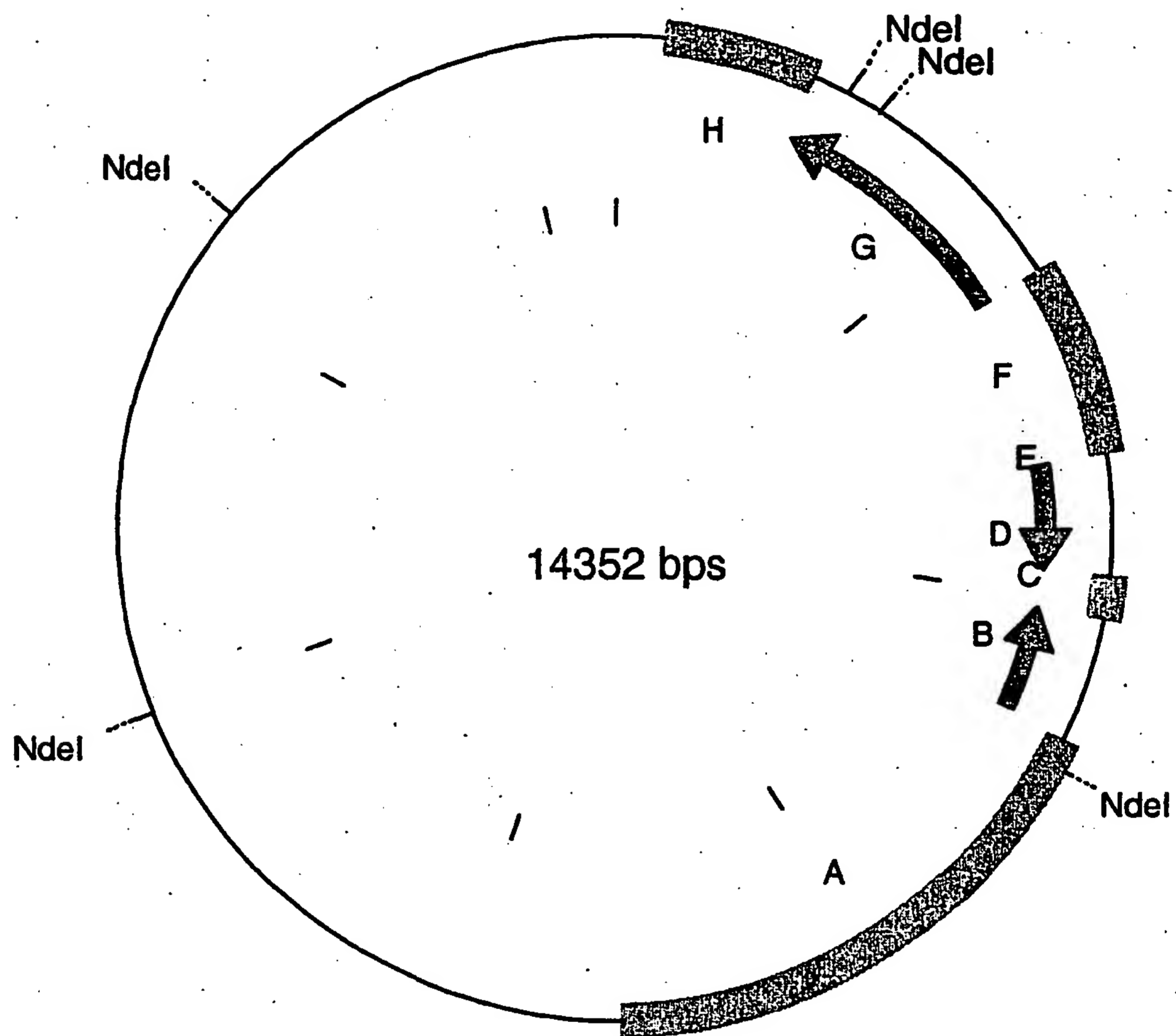
## Abbildung 49:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-USPP-AtHPPD-ocst



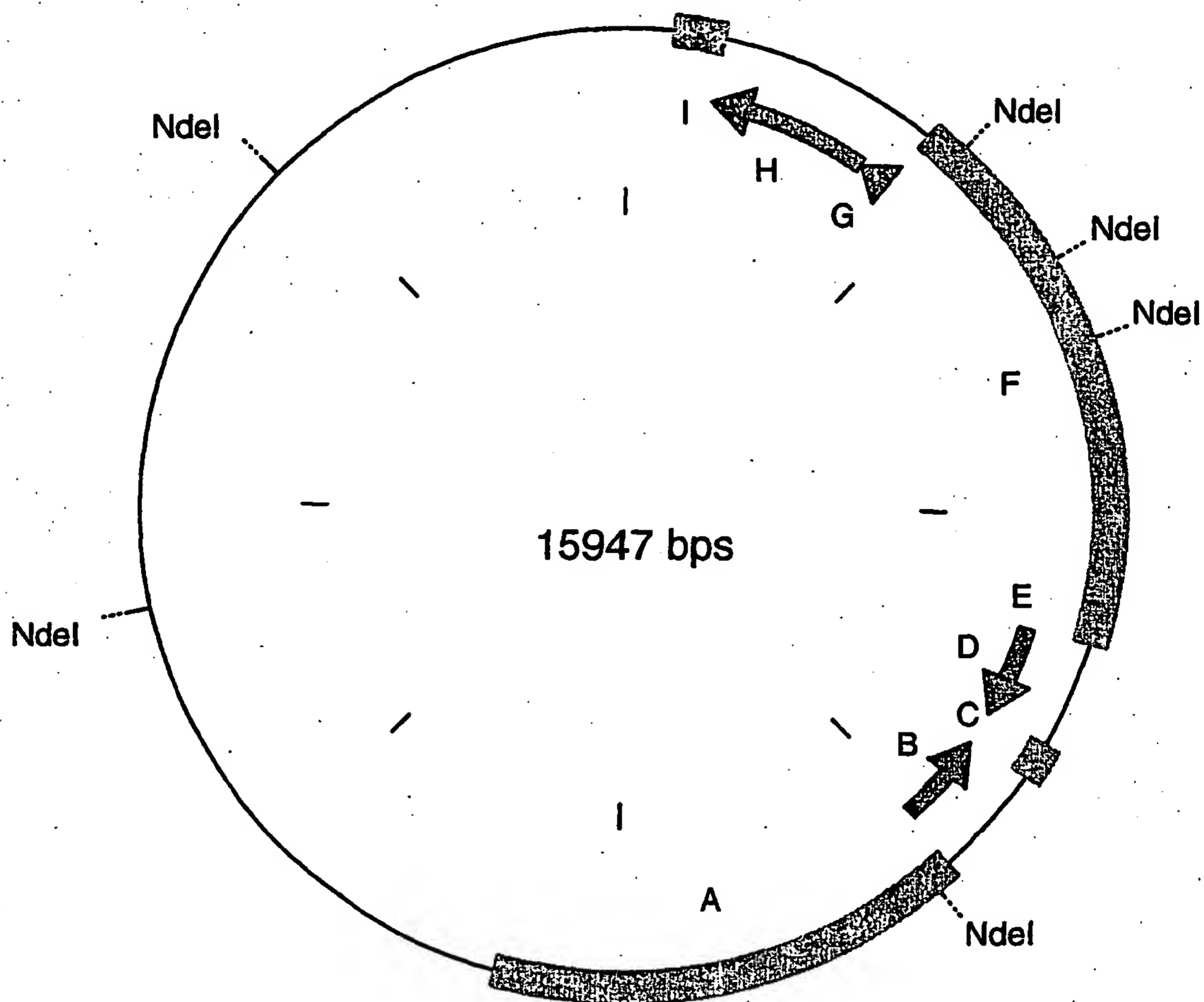
## Abbildung 50:

**pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-USPP-AtHPT-ocst**



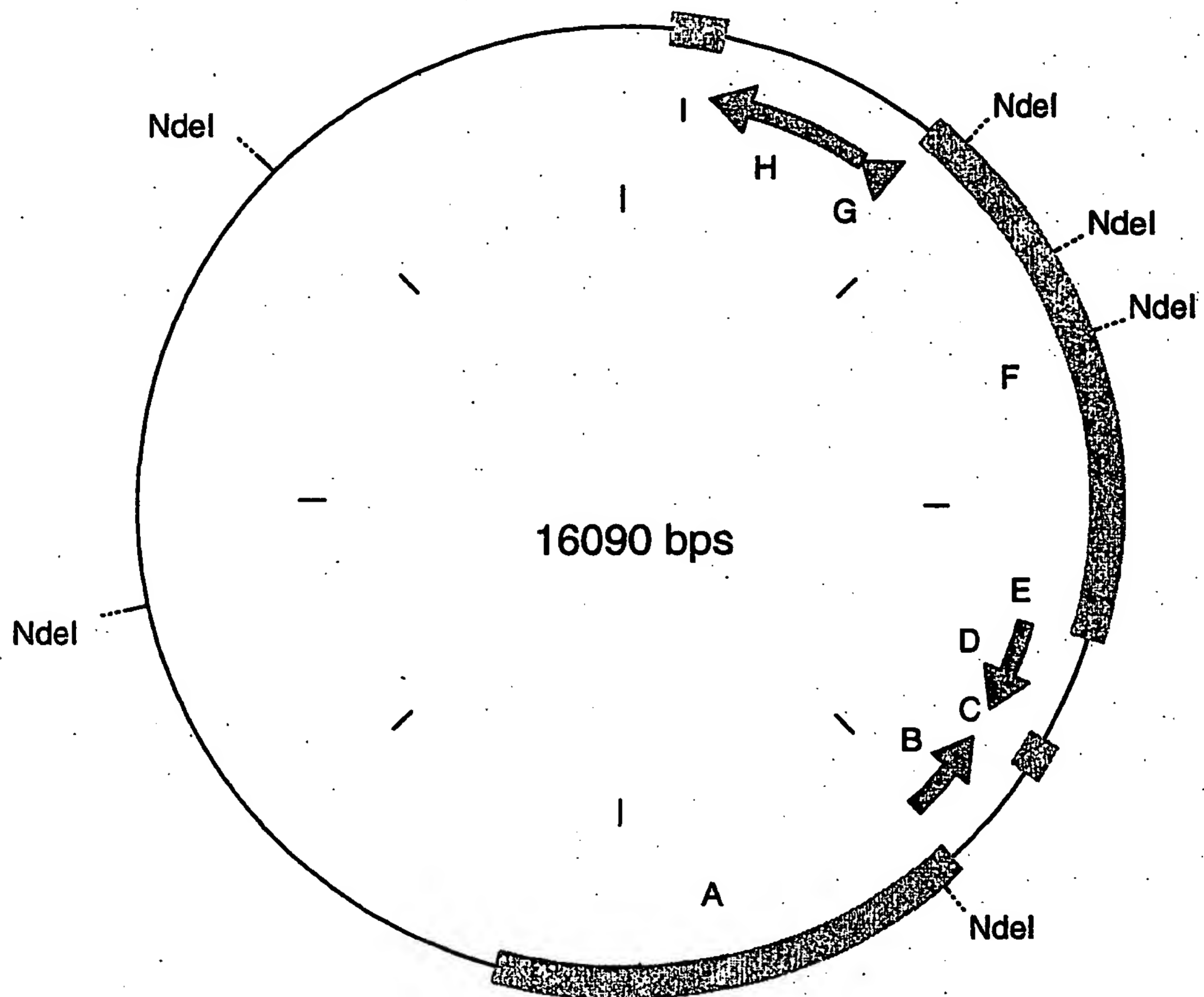
## Abbildung 51:

**pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocst-LeB4-IPP-SynMT1-nost**



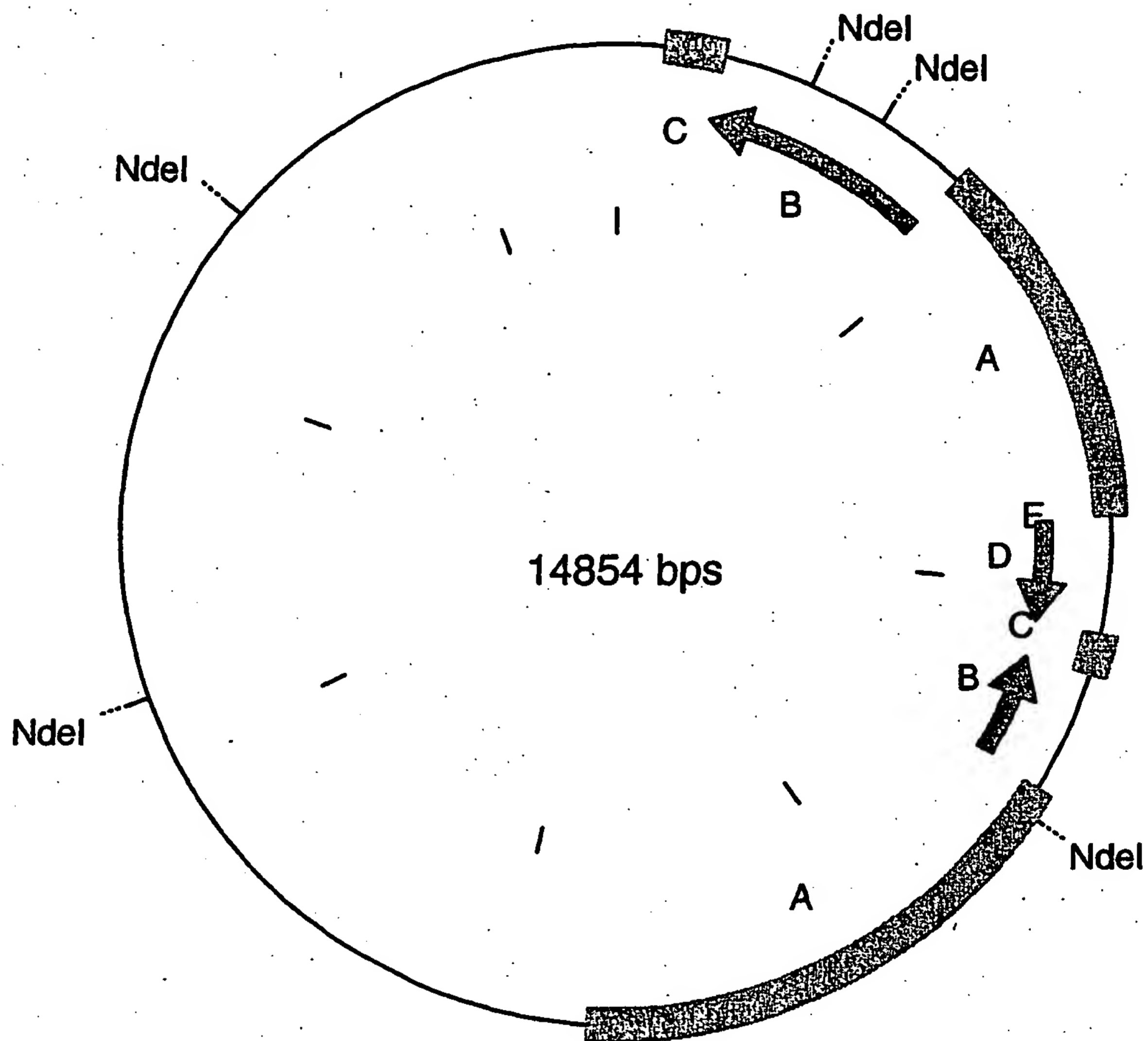
## Abbildung 52:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT-LeB4-IPP-SynMT1-nost



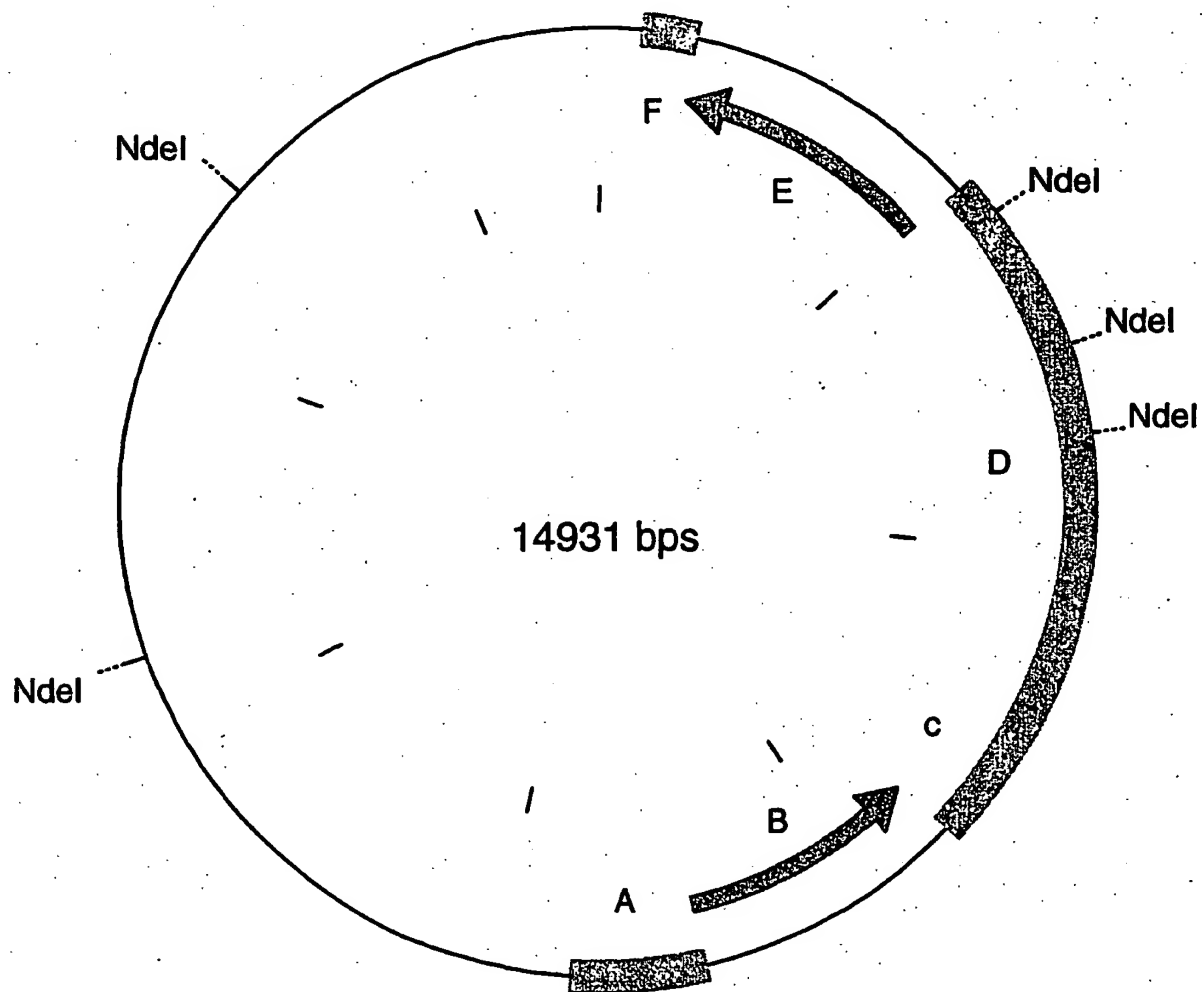
## Abbildung 53:

pSUN2-Pvic-\*BnHGD-STLS1- $\alpha$ \*BnHGD-ocsT-SBPP-At $\gamma$ TMT-35sT



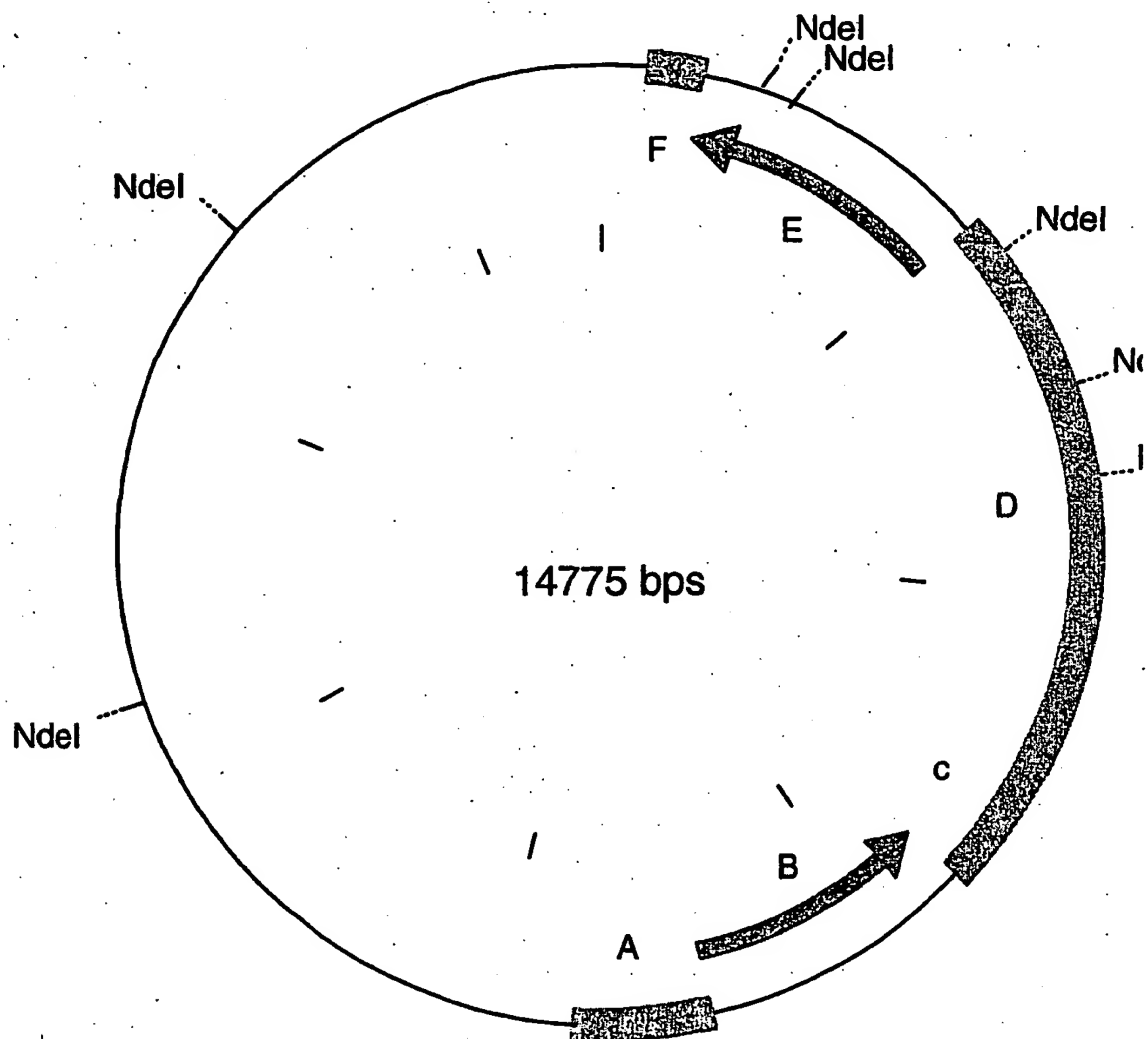
54/63

Abbildung 54: pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost-USPP-AtHPPD-ocst



55/63

Abbildung 55: pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost-USPP-AtHPT-ocst



## Abbildung 56:

pSUN2-SBPP-AtgTMT-35sT-USPP-AtHPPD-ocsT-LeB-SynMT1-nost

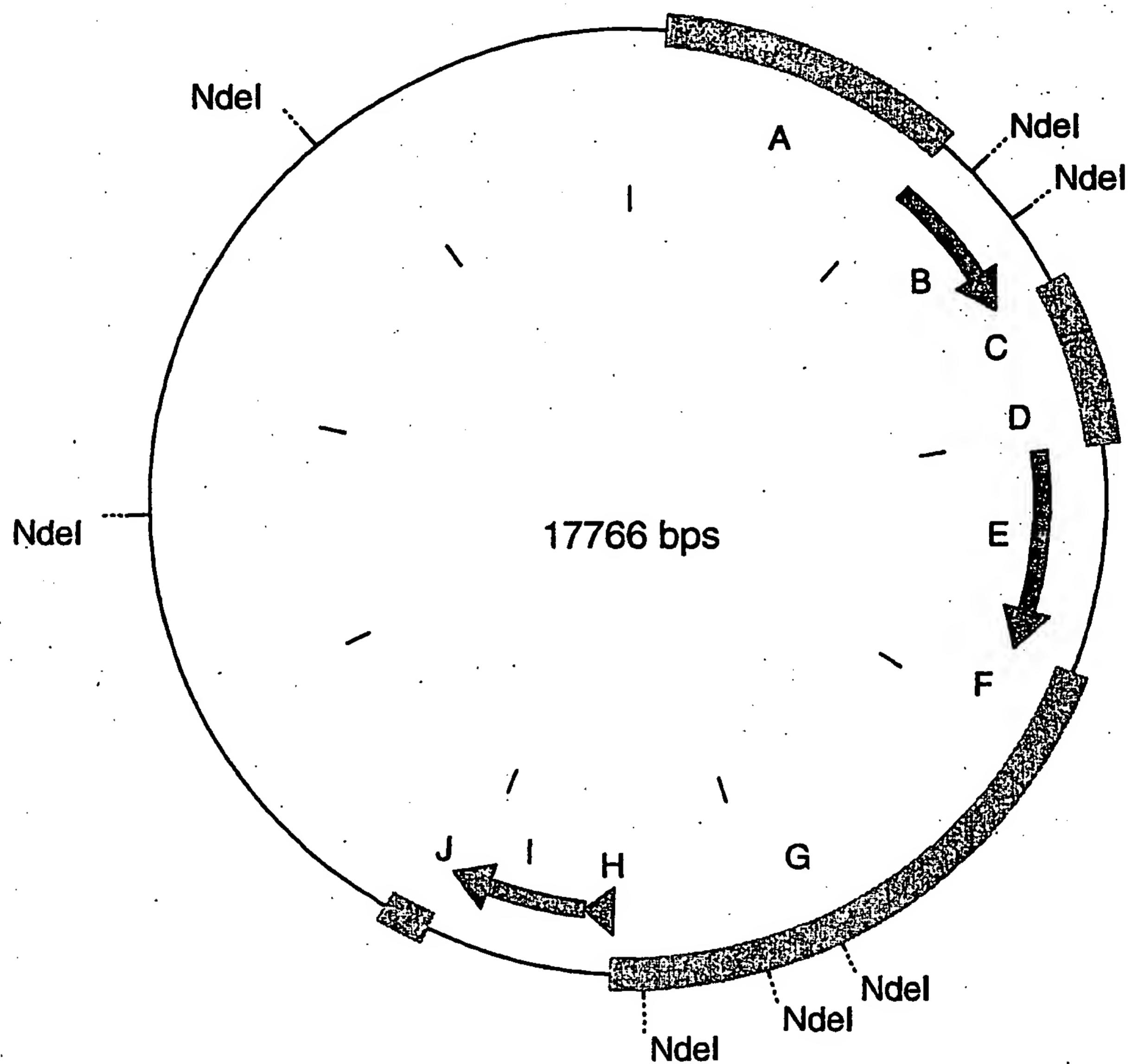


Abbildung 57:

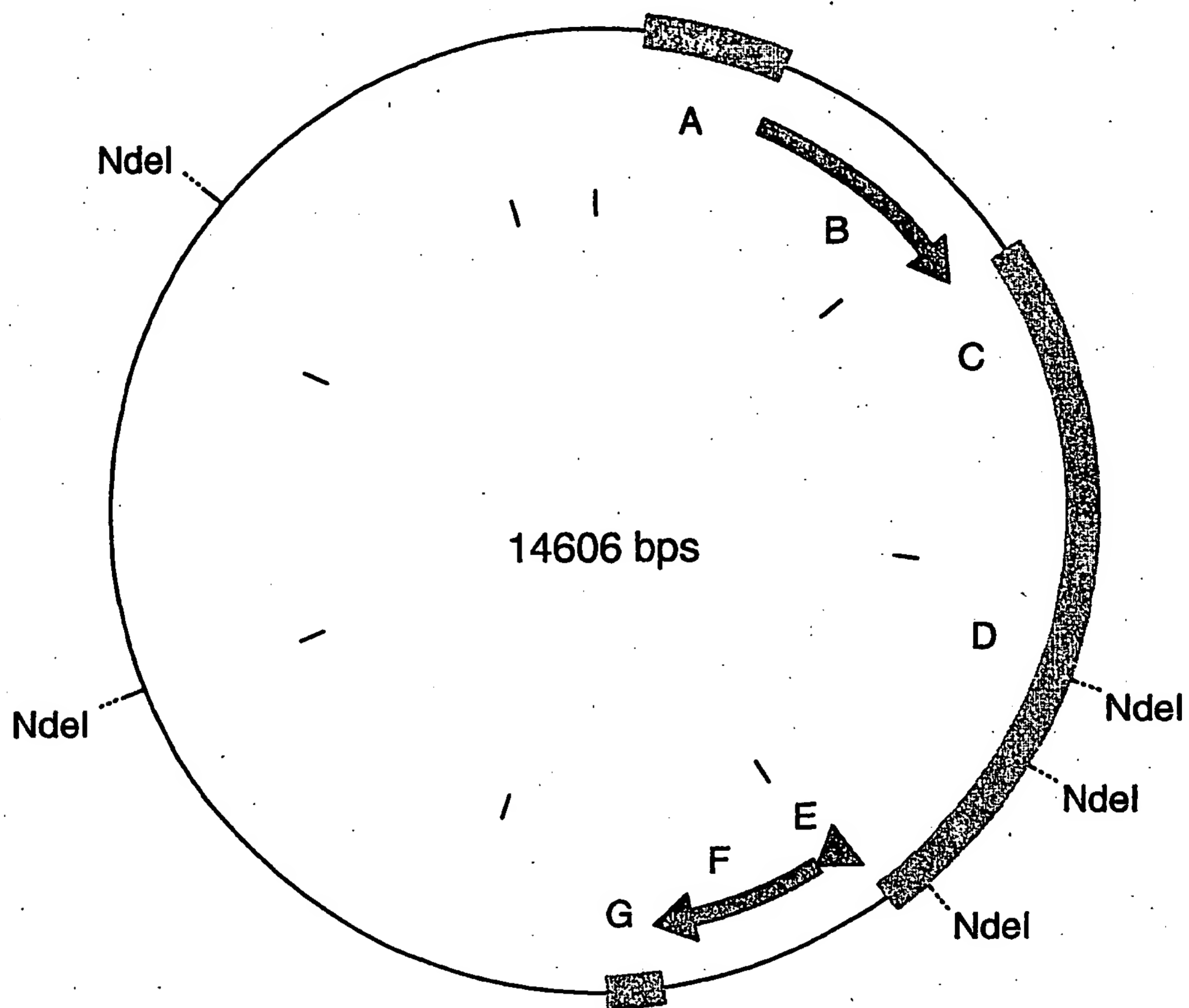
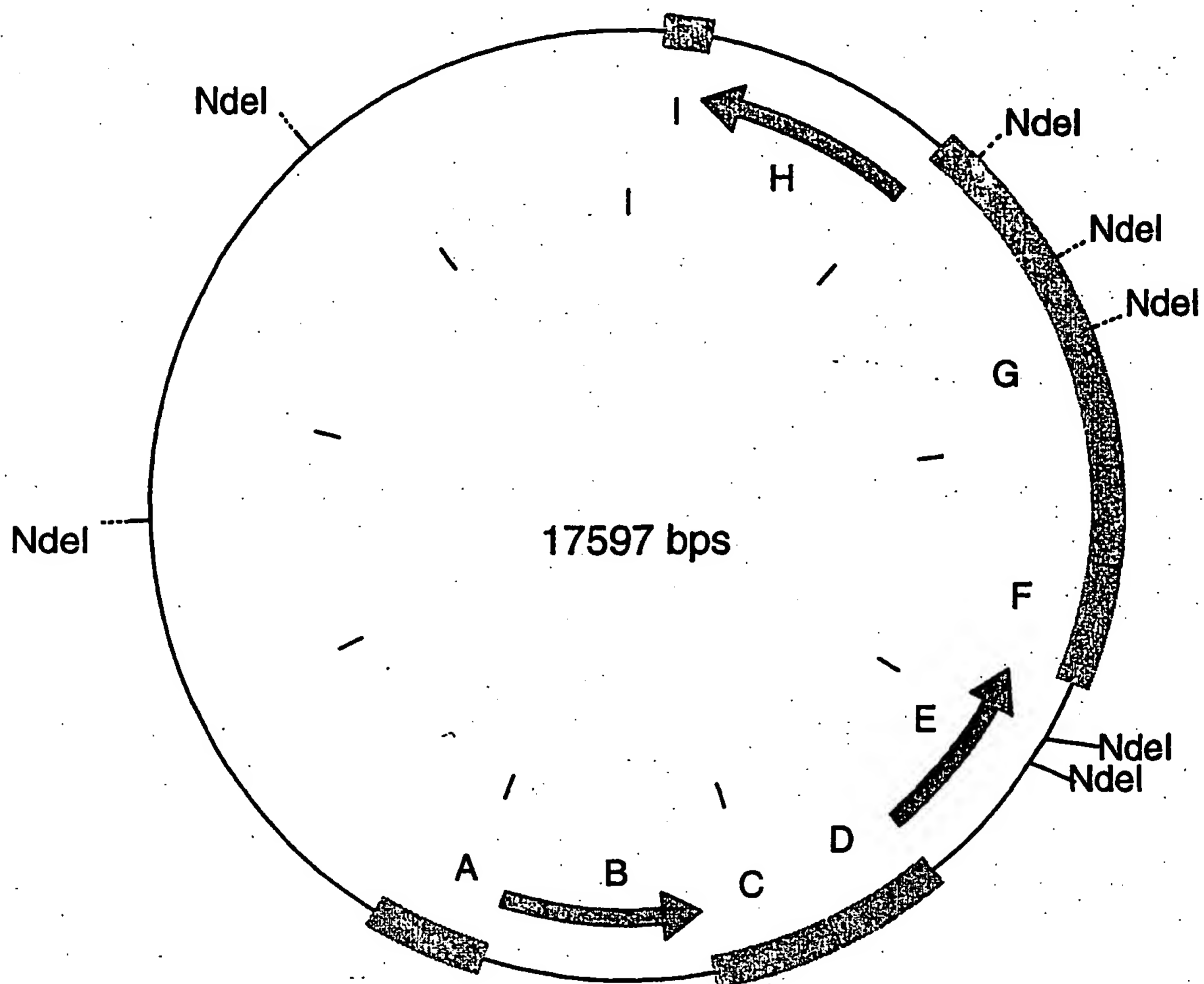
**pSUN2-USPP-AtHPPD-ocsT-LeB-SynMT1-nost**

Abbildung 58:

pSUN2-LeB4-NtGGPPOR-nost-USPP-AtHPPD-ocsT-USPP-AtHPT-ocsT



## Abbildung 59:

pSUN2-SBP-AtyTMT-35sT-LeB4-IPP-SynCyc-nosT-LeB4-IPP-SynMT1-nosT

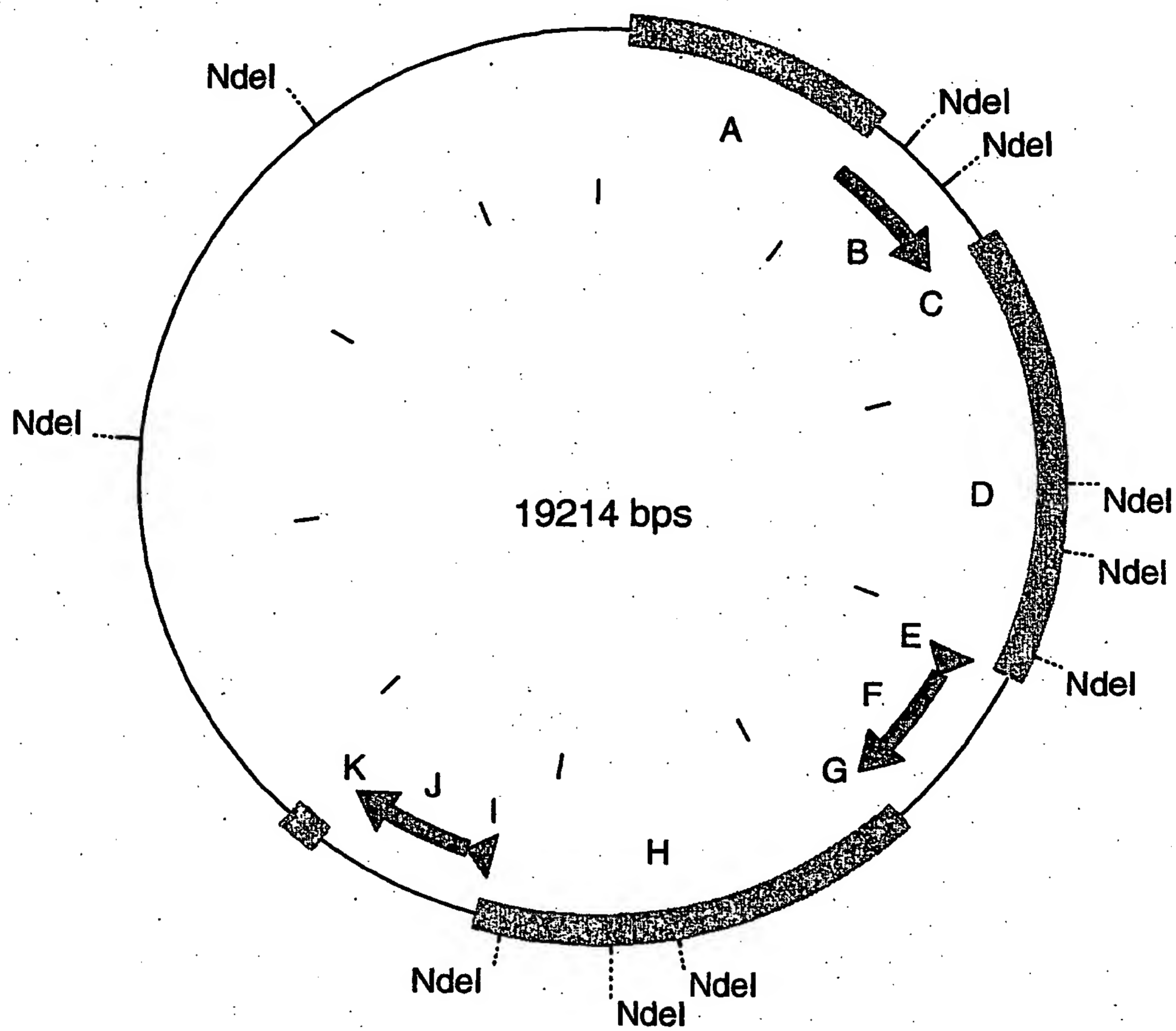


Abbildung 60

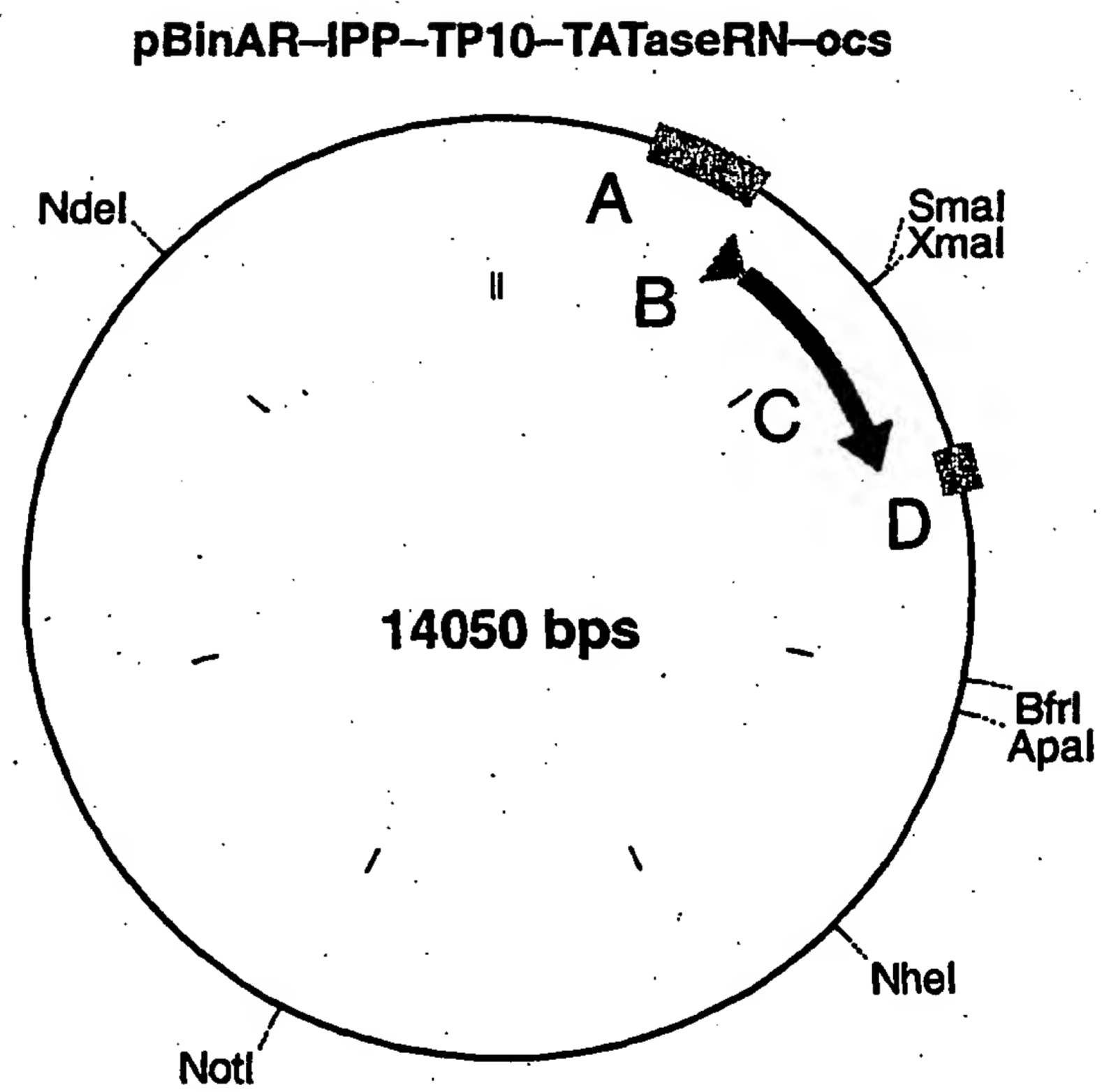
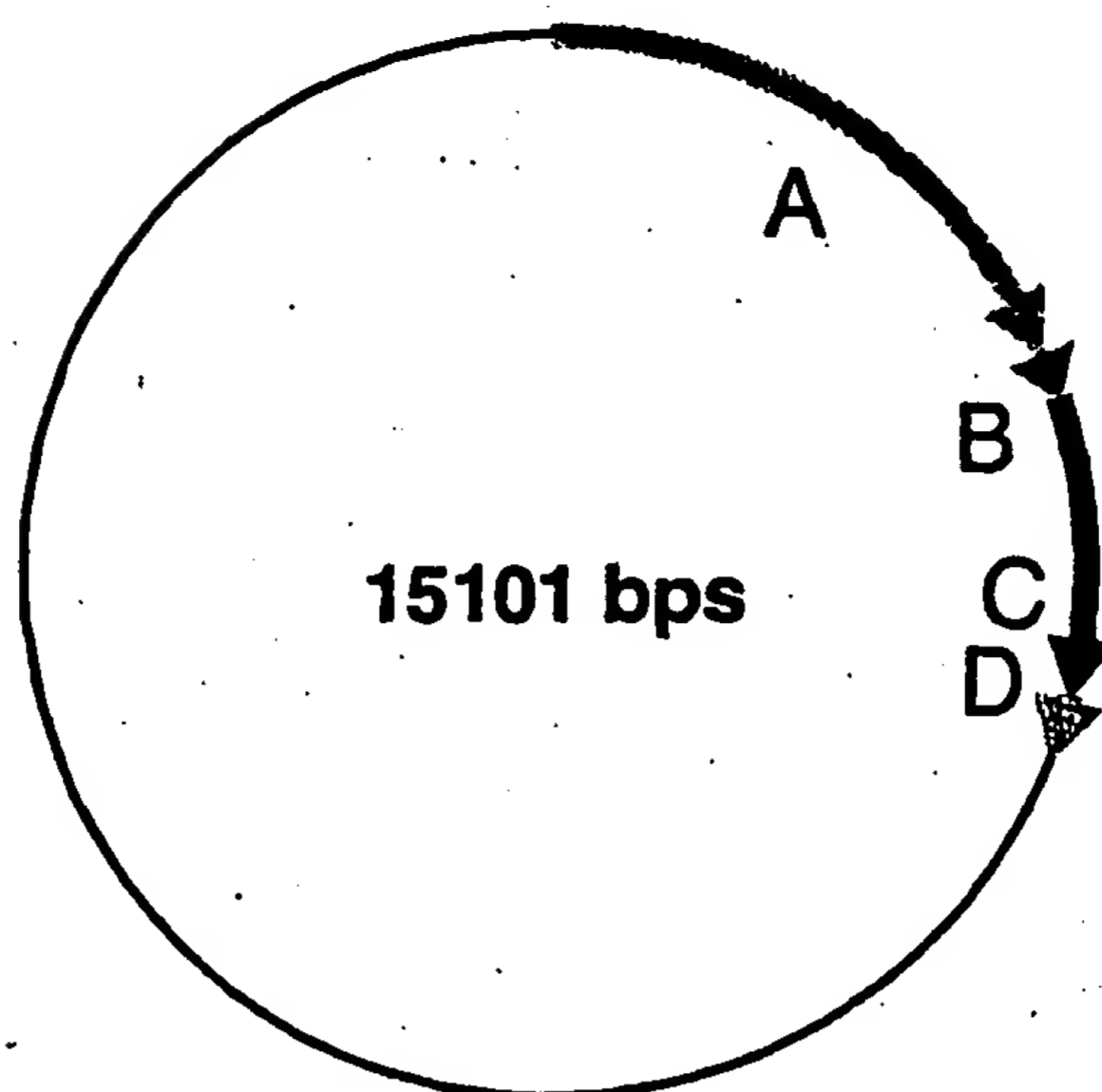


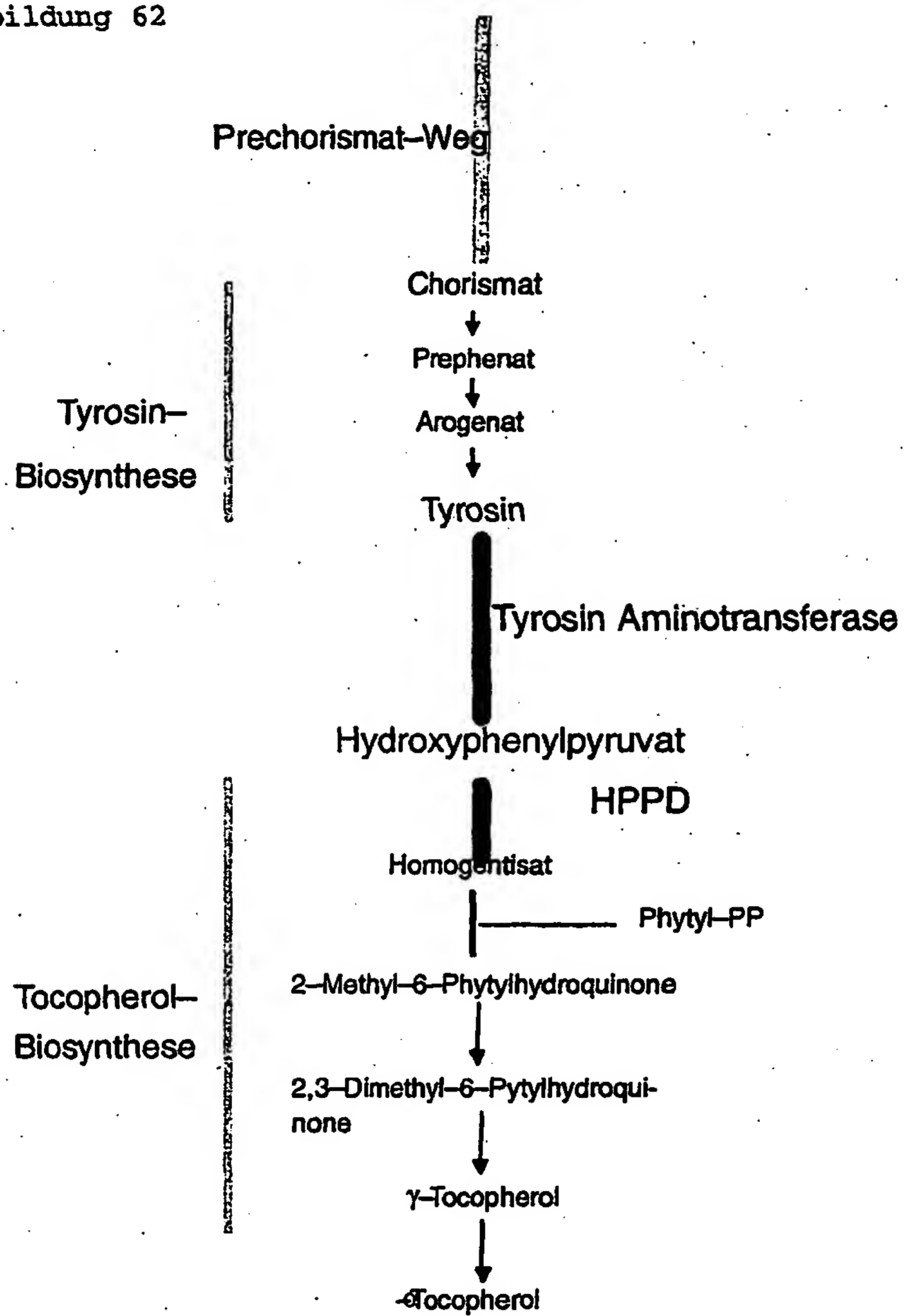
Abbildung 61:

pPTVkanLeP-IPPTp11-TATaseRN



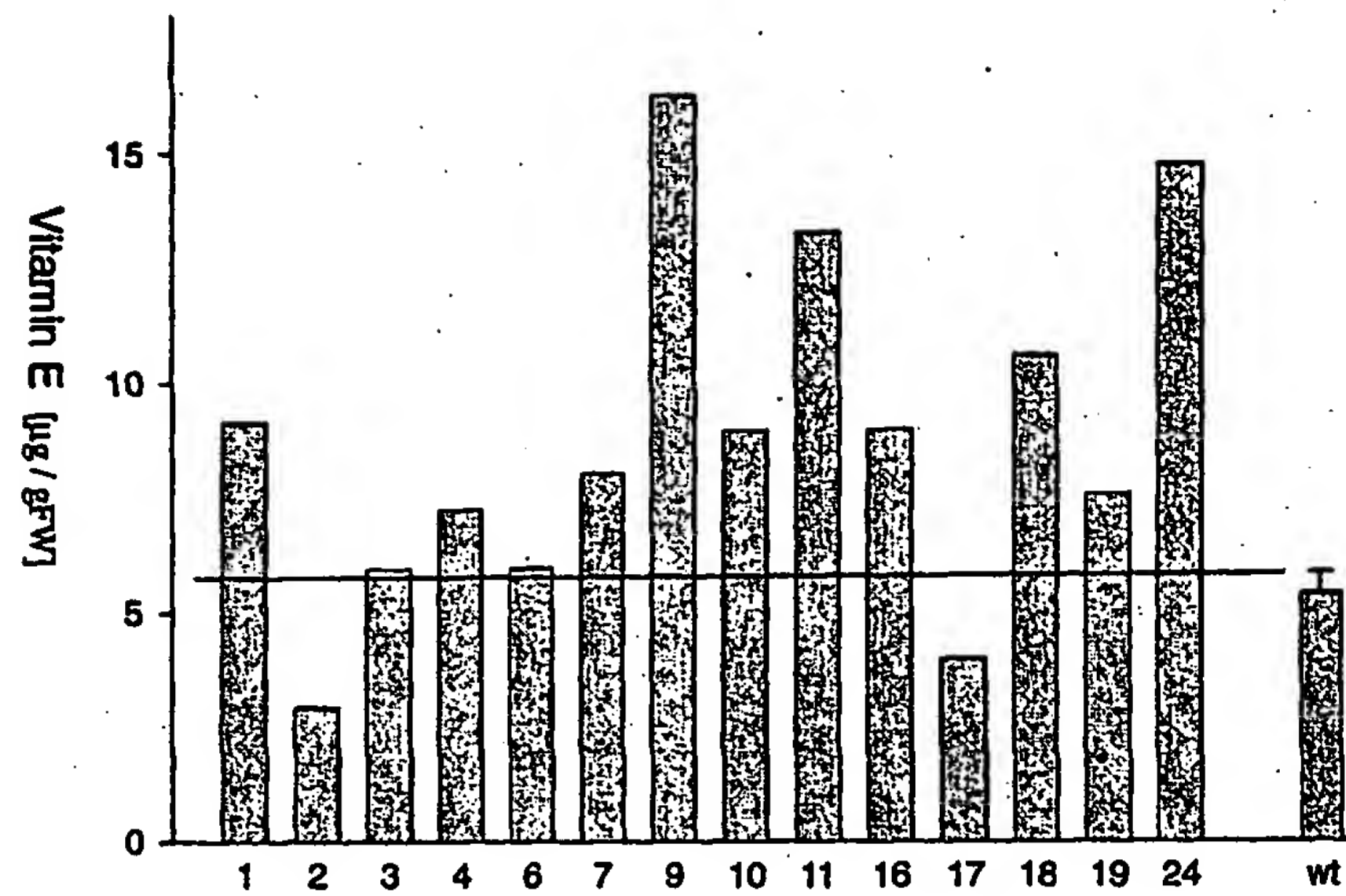
62/63

Abbildung 62



63/63

Abbildung 63



## SEQUENZPROTOKOLL

&lt;110&gt; SunGene GmbH &amp; Co. KGaA

<120> Erhöhung des Vitamin-E-Gehalts in Organismen durch  
Erhöhung der Tyrosinaminotransferase-Aktivität

&lt;130&gt; 0817/00021

&lt;140&gt;

&lt;141&gt;

&lt;160&gt; 58

&lt;170&gt; PatentIn Vers. 2.0

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 1377

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Rattus norvegicus

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1) .. (1371)

&lt;400&gt; 1

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |    |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|
| gat | atc | atg | gac | tcc | tac | gtg | att | cag | acg | gat | gtc | gac | gac | agc | ttg | 48 |
| Asp | Ile | Met | Asp | Ser | Tyr | Val | Ile | Gln | Thr | Asp | Val | Asp | Asp | Ser | Leu |    |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |    |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |    |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|
| tcc | tca | gtt | ctg | gat | gtg | cat | gtc | aat | att | ggg | ggg | aga | aac | tcg | gta | 96 |
| Ser | Ser | Val | Leu | Asp | Val | His | Val | Asn | Ile | Gly | Gly | Arg | Asn | Ser | Val |    |
|     |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |    |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| caa | gga | aga | aag | aaa | ggc | agg | aag | gcc | aga | tgg | gac | gtg | aga | ccc | tct | 144 |
| Gln | Gly | Arg | Lys | Lys | Gly | Arg | Lys | Ala | Arg | Trp | Asp | Val | Arg | Pro | Ser |     |
|     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| gac | atg | tcc | aat | aag | acc | ttc | aat | ccc | atc | cga | gcc | atc | gtg | gac | aac | 192 |
| Asp | Met | Ser | Asn | Lys | Thr | Phe | Asn | Pro | Ile | Arg | Ala | Ile | Val | Asp | Asn |     |
|     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| atg | aag | gtg | cag | ccc | aat | ccg | aac | aag | acc | gtg | att | tct | ctg | tca | att | 240 |
| Met | Lys | Val | Gln | Pro | Asn | Pro | Asn | Lys | Thr | Val | Ile | Ser | Leu | Ser | Ile |     |
|     | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| ggg | gac | cct | act | gtg | ttt | ggg | aac | ctg | cct | aca | gac | cct | gaa | gtt | acc | 288 |
| Gly | Asp | Pro | Thr | Val | Phe | Gly | Asn | Leu | Pro | Thr | Asp | Pro | Glu | Val | Thr |     |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |

|   |     |
|---|-----|
| caa gcc atg aaa gat gcc ctg gac tcg ggg aag tac aat ggc tat gcc | 336 |
| Gln Ala Met Lys Asp Ala Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Asn Gly Tyr Ala |     |
| 100 105 110   |     |
| ccg tcc atc ggc tac cta tcc agt cgg gag gag gtc gct tct tac tac | 384 |
| Pro Ser Ile Gly Tyr Leu Ser Ser Arg Glu Glu Val Ala Ser Tyr Tyr |     |
| 115 120 125   |     |
| cac tgt cat gag gct cct ctg gaa gct aag gat gtc att ctg aca agc | 432 |
| His Cys His Glu Ala Pro Leu Glu Ala Lys Asp Val Ile Leu Thr Ser |     |
| 130 135 140   |     |
| ggc tgc agt cag gcc att gag cta tgt cta gct gtg ttg gcc aat cct | 480 |
| Gly Cys Ser Gln Ala Ile Glu Leu Cys Leu Ala Val Leu Ala Asn Pro |     |
| 145 150 155 160   |     |
| gga caa aac atc ctc att cca agg ccc ggg ttt tcc ctc tat agg act | 528 |
| Gly Gln Asn Ile Leu Ile Pro Arg Pro Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Thr |     |
| 165 170 175   |     |
| ttg gct gag tct atg gga att gag gtc aag ctc tac aat ctc ctg cct | 576 |
| Leu Ala Glu Ser Met Gly Ile Glu Val Lys Leu Tyr Asn Leu Leu Pro |     |
| 180 185 190   |     |
| gag aag tct tgg gaa att gac cta aaa caa ctg gaa tct ctg atc gat | 624 |
| Glu Lys Ser Trp Glu Ile Asp Leu Lys Gln Leu Glu Ser Leu Ile Asp |     |
| 195 200 205   |     |
| gaa aaa aca gcg tgt ctt gtt gtc aac aac cca tcc aat ccc tgt ggc | 672 |
| Glu Lys Thr Ala Cys Leu Val Val Asn Asn Pro Ser Asn Pro Cys Gly |     |
| 210 215 220   |     |
| tcc gtg ttc agt aag cga cac ctt cag aag att ttg gca gtg gct gaa | 720 |
| Ser Val Phe Ser Lys Arg His Leu Gln Lys Ile Leu Ala Val Ala Glu |     |
| 225 230 235 240   |     |
| agg cag tgt gtc ccc atc tta gct gac gag atc tat ggt gac atg gtg | 768 |
| Arg Gln Cys Val Pro Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Gly Asp Met Val |     |
| 245 250 255   |     |
| ttt tca gat tgc aaa tac gaa cca ctg gcc aac ctc agc acc aat gtt | 816 |
| Phe Ser Asp Cys Lys Tyr Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ser Thr Asn Val |     |
| 260 265 270   |     |
| ccc atc ctg tcc tgt ggt ggg ctg gcc aag cgc tgg ctg gtt cct ggc | 864 |
| Pro Ile Leu Ser Cys Gly Gly Leu Ala Lys Arg Trp Leu Val Pro Gly |     |
| 275 280 285   |     |
| tgg agg ttg ggc tgg atc ctc att cat gat cga aga gac att ttt ggc | 912 |
| Trp Arg Leu Gly Trp Ile Leu Ile His Asp Arg Arg Asp Ile Phe Gly |     |

| 290   | 295 | 300 |      |
|---|-----|-----|------|
| aat gag att cga gac ggg ctg gtg aaa ctg agt cag cgg atc ctg gga |     |     | 960  |
| Asn Glu Ile Arg Asp Gly Leu Val Lys Leu Ser Gln Arg Ile Leu Gly |     |     |      |
| 305   | 310 | 315 | 320  |
| cca tgc acc ata gtc cag ggt gct ctg aag agc atc ctt cag cga acc |     |     | 1008 |
| Pro Cys Thr Ile Val Gln Gly Ala Leu Lys Ser Ile Leu Gln Arg Thr |     |     |      |
|   | 325 | 330 | 335  |
| cct cag gag ttc tat cac gac acg tta agc ttc ctc aag tcc aat gcg |     |     | 1056 |
| Pro Gln Glu Phe Tyr His Asp Thr Leu Ser Phe Leu Lys Ser Asn Ala |     |     |      |
|   | 340 | 345 | 350  |
| gac ctc tgc tat ggg gca ctg gct gcc atc cct gga ctc cag ccg gtc |     |     | 1104 |
| Asp Leu Cys Tyr Gly Ala Leu Ala Ala Ile Pro Gly Leu Gln Pro Val |     |     |      |
|   | 355 | 360 | 365  |
| cgc cct tct gga gcc atg tac ctt atg gtg gga att gag atg gag cat |     |     | 1152 |
| Arg Pro Ser Gly Ala Met Tyr Leu Met Val Gly Ile Glu Met Glu His |     |     |      |
|   | 370 | 375 | 380  |
| ttc ccg gaa ttc gag aac gac gtg gag ttc aca gag cgg ttg att gcg |     |     | 1200 |
| Phe Pro Glu Phe Glu Asn Asp Val Glu Phe Thr Glu Arg Leu Ile Ala |     |     |      |
| 385   | 390 | 395 | 400  |
| gag cag gct gtc cac tgt ctc cca gca acg tgc ttc gag tac cca aat |     |     | 1248 |
| Glu Gln Ala Val His Cys Leu Pro Ala Thr Cys Phe Glu Tyr Pro Asn |     |     |      |
|   | 405 | 410 | 415  |
| ttc ttc cga gtg gtc atc aca gtc ccc gag gtg atg atg ctg gag gct |     |     | 1296 |
| Phe Phe Arg Val Val Ile Thr Val Pro Glu Val Met Met Leu Glu Ala |     |     |      |
|   | 420 | 425 | 430  |
| tgt agc cgg atc cag gag ttc tgt gaa cag cac tac cac tgt gct gaa |     |     | 1344 |
| Cys Ser Arg Ile Gln Glu Phe Cys Glu Gln His Tyr His Cys Ala Glu |     |     |      |
|   | 435 | 440 | 445  |
| ggc agc cag gag gag tgt gac aaa taa gatatc                      |     |     | 1377 |
| Gly Ser Gln Glu Glu Cys Asp Lys                                 |     |     |      |
| 450   | 455 |     |      |

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 456

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Rattus norvegicus

&lt;400&gt; 2

Asp Ile Met Asp Ser Tyr Val Ile Gln Thr Asp Val Asp Asp Ser Leu

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 1   | 5   | 10  | 15  |
| Ser Ser Val Leu Asp Val His Val Asn Ile Gly Gly Arg Asn Ser Val | 20  | 25  | 30  |
| Gln Gly Arg Lys Lys Gly Arg Lys Ala Arg Trp Asp Val Arg Pro Ser | 35  | 40  | 45  |
| Asp Met Ser Asn Lys Thr Phe Asn Pro Ile Arg Ala Ile Val Asp Asn | 50  | 55  | 60  |
| Met Lys Val Gln Pro Asn Pro Asn Lys Thr Val Ile Ser Leu Ser Ile | 65  | 70  | 75  |
| Gly Asp Pro Thr Val Phe Gly Asn Leu Pro Thr Asp Pro Glu Val Thr | 85  | 90  | 95  |
| Gln Ala Met Lys Asp Ala Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Asn Gly Tyr Ala | 100 | 105 | 110 |
| Pro Ser Ile Gly Tyr Leu Ser Ser Arg Glu Glu Val Ala Ser Tyr Tyr | 115 | 120 | 125 |
| His Cys His Glu Ala Pro Leu Glu Ala Lys Asp Val Ile Leu Thr Ser | 130 | 135 | 140 |
| Gly Cys Ser Gln Ala Ile Glu Leu Cys Leu Ala Val Leu Ala Asn Pro | 145 | 150 | 155 |
| Gly Gln Asn Ile Leu Ile Pro Arg Pro Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Thr | 165 | 170 | 175 |
| Leu Ala Glu Ser Met Gly Ile Glu Val Lys Leu Tyr Asn Leu Leu Pro | 180 | 185 | 190 |
| Glu Lys Ser Trp Glu Ile Asp Leu Lys Gln Leu Glu Ser Leu Ile Asp | 195 | 200 | 205 |
| Glu Lys Thr Ala Cys Leu Val Val Asn Asn Pro Ser Asn Pro Cys Gly | 210 | 215 | 220 |
| Ser Val Phe Ser Lys Arg His Leu Gln Lys Ile Leu Ala Val Ala Glu | 225 | 230 | 235 |
| Arg Gln Cys Val Pro Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Gly Asp Met Val | 245 | 250 | 255 |
| Phe Ser Asp Cys Lys Tyr Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ser Thr Asn Val | 260 | 265 | 270 |

Pro Ile Leu Ser Cys Gly Gly Leu Ala Lys Arg Trp Leu Val Pro Gly  
 275 280 285

Trp Arg Leu Gly Trp Ile Leu Ile His Asp Arg Arg Asp Ile Phe Gly  
 290 295 300

Asn Glu Ile Arg Asp Gly Leu Val Lys Leu Ser Gln Arg Ile Leu Gly  
 305 310 315 320

Pro Cys Thr Ile Val Gln Gly Ala Leu Lys Ser Ile Leu Gln Arg Thr  
 325 330 335

Pro Gln Glu Phe Tyr His Asp Thr Leu Ser Phe Leu Lys Ser Asn Ala  
 340 345 350

Asp Leu Cys Tyr Gly Ala Leu Ala Ala Ile Pro Gly Leu Gln Pro Val  
 355 360 365

Arg Pro Ser Gly Ala Met Tyr Leu Met Val Gly Ile Glu Met Glu His  
 370 375 380

Phe Pro Glu Phe Glu Asn Asp Val Glu Phe Thr Glu Arg Leu Ile Ala  
 385 390 395 400

Glu Gln Ala Val His Cys Leu Pro Ala Thr Cys Phe Glu Tyr Pro Asn  
 405 410 415

Phe Phe Arg Val Val Ile Thr Val Pro Glu Val Met Met Leu Glu Ala  
 420 425 430

Cys Ser Arg Ile Gln Glu Phe Cys Glu Gln His Tyr His Cys Ala Glu  
 435 440 445

Gly Ser Gln Glu Glu Cys Asp Lys  
 450 455

<210> 3  
 <211> 1365  
 <212> DNA  
 <213> Rattus norvegicus

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1365)

<400> 3  
 atg gac tcc tac gtg att cag acg gat gtc gac gac agc ttg tcc tca 48  
 Met Asp Ser Tyr Val Ile Gln Thr Asp Val Asp Asp Ser Leu Ser Ser  
 1 5 10 15

|   |     |
|---|-----|
| gtt ctg gat gtg cgt gtc aat gtt ggt ggg aga aac tcg gta caa gga | 96  |
| Val Leu Asp Val Arg Val Asn Val Gly Gly Arg Asn Ser Val Gln Gly |     |
| 20 25 30  |     |
| aga aag aaa ggc agg aag gcc aga tgg gac gtg aga ccc tct gac atg | 144 |
| Arg Lys Lys Gly Arg Lys Ala Arg Trp Asp Val Arg Pro Ser Asp Met |     |
| 35 40 45  |     |
| tcc aat aag acc ttc aat ccc atc cga gcc atc gtg gac aac atg aag | 192 |
| Ser Asn Lys Thr Phe Asn Pro Ile Arg Ala Ile Val Asp Asn Met Lys |     |
| 50 55 60  |     |
| gtg cag ccc aat ccg aac aag acc gtg att tct ctg tca att ggg gac | 240 |
| Val Gln Pro Asn Pro Asn Lys Thr Val Ile Ser Leu Ser Ile Gly Asp |     |
| 65 70 75 80   |     |
| cct act gtg ttt ggg aac ctg cct aca gac cct gaa gtt acc caa gcc | 288 |
| Pro Thr Val Phe Gly Asn Leu Pro Thr Asp Pro Glu Val Thr Gln Ala |     |
| 85 90 95  |     |
| atg aaa gat gcc ctg gac tcg ggg aag tac aat ggc tat gcc ccg tcc | 336 |
| Met Lys Asp Ala Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Asn Gly Tyr Ala Pro Ser |     |
| 100 105 110   |     |
| atc ggc tac cta tcc agt cgg gag gag gtc gct tct tac tac cac tgt | 384 |
| Ile Gly Tyr Leu Ser Ser Arg Glu Glu Val Ala Ser Tyr Tyr His Cys |     |
| 115 120 125   |     |
| cat gag gct cct ctg gaa gct aag gat gtc att ctg aca agc ggc tgc | 432 |
| His Glu Ala Pro Leu Glu Ala Lys Asp Val Ile Leu Thr Ser Gly Cys |     |
| 130 135 140   |     |
| agt cag gcc att gag cta tgt cta gct gtg ttg gcc aat cct gga caa | 480 |
| Ser Gln Ala Ile Glu Leu Cys Leu Ala Val Leu Ala Asn Pro Gly Gln |     |
| 145 150 155 160   |     |
| aac atc ctc att cca agg ccc ggg ttt tcc ctc tat agg act ttg gct | 528 |
| Asn Ile Leu Ile Pro Arg Pro Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Thr Leu Ala |     |
| 165 170 175   |     |
| gag tct atg gga att gag gtc aag ctc tac aat ctc ctg ccc gag aag | 576 |
| Glu Ser Met Gly Ile Glu Val Lys Leu Tyr Asn Leu Leu Pro Glu Lys |     |
| 180 185 190   |     |
| tct tgg gaa att gac cta aaa caa ctg gaa tct ctg atc gat gaa aaa | 624 |
| Ser Trp Glu Ile Asp Leu Lys Gln Leu Glu Ser Leu Ile Asp Glu Lys |     |
| 195 200 205   |     |
| aca gcg tgt ctt gtt gtc aac aac cca tcc aat ccc tgt ggc tcc gtg | 672 |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Thr | Ala | Cys | Leu | Val | Val | Asn | Asn | Pro | Ser | Asn | Pro | Cys | Gly | Ser | Val |      |
| 210 |     |     |     |     |     | 215 |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |      |
| ttc | agt | aag | cgg | cac | ctt | cag | aag | att | ttg | gca | gtg | gct | gaa | agg | cag | 720  |
| Phe | Ser | Lys | Arg | His | Leu | Gln | Lys | Ile | Leu | Ala | Val | Ala | Glu | Arg | Gln |      |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     | 235 |     |     |     |     |     | 240 |      |
| tgt | gtc | ccc | atc | tta | gct | gac | gag | atc | tat | ggc | gac | atg | gtg | ttt | tca | 768  |
| Cys | Val | Pro | Ile | Leu | Ala | Asp | Glu | Ile | Tyr | Gly | Asp | Met | Val | Phe | Ser |      |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |
| gac | tgc | aaa | tac | gaa | cca | ctg | gcc | aac | ctc | agc | acc | aat | gtt | ccc | atc | 816  |
| Asp | Cys | Lys | Tyr | Glu | Pro | Leu | Ala | Asn | Leu | Ser | Thr | Asn | Val | Pro | Ile |      |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |
| ctg | tcc | tgt | ggc | ggg | ctg | gcc | aag | cgc | tgg | ctg | gtt | cct | ggc | tgg | agg | 864  |
| Leu | Ser | Cys | Gly | Gly | Leu | Ala | Lys | Arg | Trp | Leu | Val | Pro | Gly | Trp | Arg |      |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |
| ttg | ggc | tgg | atc | ctc | att | cat | gat | cga | aga | gac | att | ttt | ggc | aat | gag | 912  |
| Leu | Gly | Trp | Ile | Leu | Ile | His | Asp | Arg | Arg | Asp | Ile | Phe | Gly | Asn | Glu |      |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |      |
| att | cga | gac | ggg | ctg | gtg | aaa | ctg | agt | cag | cgg | atc | ctg | gga | cca | tgc | 960  |
| Ile | Arg | Asp | Gly | Leu | Val | Lys | Leu | Ser | Gln | Arg | Ile | Leu | Gly | Pro | Cys |      |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     |     |     | 320 |      |
| acc | ata | gtc | cag | ggc | gct | ctg | aag | agc | atc | ctt | cag | cga | acc | cct | cag | 1008 |
| Thr | Ile | Val | Gln | Gly | Ala | Leu | Lys | Ser | Ile | Leu | Gln | Arg | Thr | Pro | Gln |      |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |      |
| gag | ttc | tat | cac | gac | acg | tta | agc | ttc | ctc | aag | tcc | aat | gcg | gac | ctc | 1056 |
| Glu | Phe | Tyr | His | Asp | Thr | Leu | Ser | Phe | Leu | Lys | Ser | Asn | Ala | Asp | Leu |      |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |
| tgc | tat | ggg | gca | ctg | gct | gcc | atc | cct | gga | ctc | cag | ccg | gtc | cgc | cct | 1104 |
| Cys | Tyr | Gly | Ala | Leu | Ala | Ala | Ile | Pro | Gly | Leu | Gln | Pro | Val | Arg | Pro |      |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |
| tct | gga | gcc | atg | tac | ctt | atg | gtg | gga | att | gag | atg | gag | cat | ctc | ccg | 1152 |
| Ser | Gly | Ala | Met | Tyr | Leu | Met | Val | Gly | Ile | Glu | Met | Glu | His | Leu | Pro |      |
|     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     | 380 |     |     |     |     |     |      |
| gaa | ttc | gag | aac | gac | gtg | gag | ttc | aca | gag | cgg | ttg | att | gcg | gag | cag | 1200 |
| Glu | Phe | Glu | Asn | Asp | Val | Glu | Phe | Thr | Glu | Arg | Leu | Ile | Ala | Glu | Gln |      |
| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     | 395 |     |     |     |     |     | 400 |      |
| gct | gtc | cac | tgt | ctc | cca | gca | acg | tgc | ttc | gag | tac | cca | aat | ttc | ttc | 1248 |
| Ala | Val | His | Cys | Leu | Pro | Ala | Thr | Cys | Phe | Glu | Tyr | Pro | Asn | Phe | Phe |      |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |      |

cga gtg gtc atc aca gtc ccc gag gtg atg atg ctg gag gct tgt agc 1296  
 Arg Val Val Ile Thr Val Pro Glu Val Met Met Leu Glu Ala Cys Ser  
                   420                  425                  430

cgg atc cag gag ttc tgt gaa cag cac tac cac tgt gct gaa ggc agc 1344  
 Arg Ile Gln Glu Phe Cys Glu Gln His Tyr His Cys Ala Glu Gly Ser  
                   435                  440                  445

cag gag gag tgt gac aaa taa 1365  
 Gln Glu Glu Cys Asp Lys  
                   450                  455

<210> 4

<211> 454

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 4

Met Asp Ser Tyr Val Ile Gln Thr Asp Val Asp Asp Ser Leu Ser Ser  
   1                  5                  10                  15

Val Leu Asp Val Arg Val Asn Val Gly Gly Arg Asn Ser Val Gln Gly  
                   20                  25                  30

Arg Lys Lys Gly Arg Lys Ala Arg Trp Asp Val Arg Pro Ser Asp Met  
                   35                  40                  45

Ser Asn Lys Thr Phe Asn Pro Ile Arg Ala Ile Val Asp Asn Met Lys  
                   50                  55                  60

Val Gln Pro Asn Pro Asn Lys Thr Val Ile Ser Leu Ser Ile Gly Asp  
                   65                  70                  75                  80

Pro Thr Val Phe Gly Asn Leu Pro Thr Asp Pro Glu Val Thr Gln Ala  
                   85                  90                  95

Met Lys Asp Ala Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Asn Gly Tyr Ala Pro Ser  
                   100                  105                  110

Ile Gly Tyr Leu Ser Ser Arg Glu Glu Val Ala Ser Tyr Tyr His Cys  
                   115                  120                  125

His Glu Ala Pro Leu Glu Ala Lys Asp Val Ile Leu Thr Ser Gly Cys  
                   130                  135                  140

Ser Gln Ala Ile Glu Leu Cys Leu Ala Val Leu Ala Asn Pro Gly Gln  
                   145                  150                  155                  160

Asn Ile Leu Ile Pro Arg Pro Gly Phe Ser Leu Tyr Arg Thr Leu Ala  
 165 170 175

Glu Ser Met Gly Ile Glu Val Lys Leu Tyr Asn Leu Leu Pro Glu Lys  
 180 185 190

Ser Trp Glu Ile Asp Leu Lys Gln Leu Glu Ser Leu Ile Asp Glu Lys  
 195 200 205

Thr Ala Cys Leu Val Val Asn Asn Pro Ser Asn Pro Cys Gly Ser Val  
 210 215 220

Phe Ser Lys Arg His Leu Gln Lys Ile Leu Ala Val Ala Glu Arg Gln  
 225 230 235 240

Cys Val Pro Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Gly Asp Met Val Phe Ser  
 245 250 255

Asp Cys Lys Tyr Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ser Thr Asn Val Pro Ile  
 260 265 270

Leu Ser Cys Gly Gly Leu Ala Lys Arg Trp Leu Val Pro Gly Trp Arg  
 275 280 285

Leu Gly Trp Ile Leu Ile His Asp Arg Arg Asp Ile Phe Gly Asn Glu  
 290 295 300

Ile Arg Asp Gly Leu Val Lys Leu Ser Gln Arg Ile Leu Gly Pro Cys  
 305 310 315 320

Thr Ile Val Gln Gly Ala Leu Lys Ser Ile Leu Gln Arg Thr Pro Gln  
 325 330 335

Glu Phe Tyr His Asp Thr Leu Ser Phe Leu Lys Ser Asn Ala Asp Leu  
 340 345 350

Cys Tyr Gly Ala Leu Ala Ala Ile Pro Gly Leu Gln Pro Val Arg Pro  
 355 360 365

Ser Gly Ala Met Tyr Leu Met Val Gly Ile Glu Met Glu His Leu Pro  
 370 375 380

Glu Phe Glu Asn Asp Val Glu Phe Thr Glu Arg Leu Ile Ala Glu Gln  
 385 390 395 400

Ala Val His Cys Leu Pro Ala Thr Cys Phe Glu Tyr Pro Asn Phe Phe  
 405 410 415

Arg Val Val Ile Thr Val Pro Glu Val Met Met Leu Glu Ala Cys Ser  
 420 425 430

Arg Ile Gln Glu Phe Cys Glu Gln His Tyr His Cys Ala Glu Gly Ser  
 435 440 445

Gln Glu Glu Cys Asp Lys  
 450

<210> 5

<211> 1269

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1269)

<400> 5

atg gca acc ctt aag tgc att gat tgg caa ttc agc gga agc gag gcg 48  
 Met Ala Thr Leu Lys Cys Ile Asp Trp Gln Phe Ser Gly Ser Glu Ala  
 1 5 10 15

gcc aaa gat gct gct gcg gcc tcc tta ggc tca tat acc tct gca ctc 96  
 Ala Lys Asp Ala Ala Ala Ala Ser Leu Gly Ser Tyr Thr Ser Ala Leu  
 20 25 30

tat gcc ctg tgc gat cct cat ggc aaa ccc att ttg ccc cca cga aat 144  
 Tyr Ala Leu Cys Asp Pro His Gly Lys Pro Ile Leu Pro Pro Arg Asn  
 35 40 45

gag atc ctg gag acc agc aat aca gcc gaa aaa gca gtt gtt aaa gct 192  
 Glu Ile Leu Glu Thr Ser Asn Thr Ala Glu Lys Ala Val Val Lys Ala  
 50 55 60

gtt ctt tat ggc tcg gga aac gcc tat gct cct agc tta ggc ctc gcg 240  
 Val Leu Tyr Gly Ser Gly Asn Ala Tyr Ala Pro Ser Leu Gly Leu Ala  
 65 70 75 80

gcc gcc aaa agt gcc gta gca gag tat cta aac caa ggt ctt cca aag 288  
 Ala Ala Lys Ser Ala Val Ala Glu Tyr Leu Asn Gln Gly Leu Pro Lys  
 85 90 95

aag ctt acc gca gat gac gtg ttt atg act ctg gga tgc aaa caa gct 336  
 Lys Leu Thr Ala Asp Asp Val Phe Met Thr Leu Gly Cys Lys Gln Ala  
 100 105 110

att gag ctc gcg gta gac att ctc gct aaa ccg aaa gcc aac gtt ttg 384  
 Ile Glu Leu Ala Val Asp Ile Leu Ala Lys Pro Lys Ala Asn Val Leu  
 115 120 125

ctt ccg agt ccc ggc ttc cca tgg gac cta gtc cgc tcc atc tac aag 432  
 Leu Pro Ser Pro Gly Phe Pro Trp Asp Leu Val Arg Ser Ile Tyr Lys  
 130 135 140

aac ctt gag gtc cgc cac tat aat ttc ctt cca gaa aag aac ttt gaa 480  
 Asn Leu Glu Val Arg His Tyr Asn Phe Leu Pro Glu Lys Asn Phe Glu  
 145 150 155 160

atc gac ttt gat agc gtc cga gcg ctc gtg gac gag aac aca ttt gcc 528  
 Ile Asp Phe Asp Ser Val Arg Ala Leu Val Asp Glu Asn Thr Phe Ala  
 165 170 175

ata ttt ata atc aac ccc cac aac ccc aat ggt aac acc tac tcc gag 576  
 Ile Phe Ile Ile Asn Pro His Asn Pro Asn Gly Asn Thr Tyr Ser Glu  
 180 185 190

gct cat ctc aaa cag ctg gct gaa ctg gct aag gaa ctc aag att atg 624  
 Ala His Leu Lys Gln Leu Ala Glu Leu Ala Lys Glu Leu Lys Ile Met  
 195 200 205

gtg gtt tct gac gag gtt ttt aga tgg aca ctc ttt ggt agt aac cct 672  
 Val Val Ser Asp Glu Val Phe Arg Trp Thr Leu Phe Gly Ser Asn Pro  
 210 215 220

ttt gtt cct atg gga aaa ttc tcg tcg atc gta cca gtg gtt aca ctc 720  
 Phe Val Pro Met Gly Lys Phe Ser Ser Ile Val Pro Val Val Thr Leu  
 225 230 235 240

gga tcc ata tca aag gga tgg aaa gtc cca gga tgg cga act ggt tgg 768  
 Gly Ser Ile Ser Lys Gly Trp Lys Val Pro Gly Trp Arg Thr Gly Trp  
 245 250 255

ctc acg cta cat gat cta gac ggt gtc ttc aga aac acc aag gtc tta 816  
 Leu Thr Leu His Asp Leu Asp Gly Val Phe Arg Asn Thr Lys Val Leu  
 260 265 270

caa gct gct caa gat ttt ctc cag ata aac aat aac cct ccg aca gtt 864  
 Gln Ala Ala Gln Asp Phe Leu Gln Ile Asn Asn Asn Pro Pro Thr Val  
 275 280 285

atc cag gcg gct att cct gac atc ttg gag aaa act cct caa gag ttt 912  
 Ile Gln Ala Ala Ile Pro Asp Ile Leu Glu Lys Thr Pro Gln Glu Phe  
 290 295 300

ttt gat aag agg cag agt ttt ctg aaa gat aaa gta gaa ttt ggt tat 960  
 Phe Asp Lys Arg Gln Ser Phe Leu Lys Asp Lys Val Glu Phe Gly Tyr  
 305 310 315 320

tct aag ctc aag tac att cct agc ctc act tgc tac atg aaa ccc gaa 1008  
 Ser Lys Leu Lys Tyr Ile Pro Ser Leu Thr Cys Tyr Met Lys Pro Glu

| 325   | 330 | 335 |      |
|---|-----|-----|------|
| gcc tgc acc ttc tta tgg acc gag ctt gat tta tcg agc ttt gtg gac |     |     | 1056 |
| Ala Cys Thr Phe Leu Trp Thr Glu Leu Asp Leu Ser Ser Phe Val Asp |     |     |      |
| 340   | 345 | 350 |      |
| atc gaa gac gat caa gac ttt tgc aat aag ctt gct aaa gaa gaa aac |     |     | 1104 |
| Ile Glu Asp Asp Gln Asp Phe Cys Asn Lys Leu Ala Lys Glu Glu Asn |     |     |      |
| 355   | 360 | 365 |      |
| ctc gtc gtt tta cca ggg att gca ttc agt cag aag aac tgg ttg agg |     |     | 1152 |
| Leu Val Val Leu Pro Gly Ile Ala Phe Ser Gln Lys Asn Trp Leu Arg |     |     |      |
| 370   | 375 | 380 |      |
| cat tct atc gat atg gag act ccg gta ttg gag gat gca ttg gaa aga |     |     | 1200 |
| His Ser Ile Asp Met Glu Thr Pro Val Leu Glu Asp Ala Leu Glu Arg |     |     |      |
| 385   | 390 | 395 | 400  |
| ttg aag agc ttc tgc gat cgc cat tcc aac aaa aaa gct ccc ctc aaa |     |     | 1248 |
| Leu Lys Ser Phe Cys Asp Arg His Ser Asn Lys Lys Ala Pro Leu Lys |     |     |      |
| 405   | 410 | 415 |      |
| gac gtc aat ggt gtt aag taa                                     |     |     | 1269 |
| Asp Val Asn Gly Val Lys   |     |     |      |
| 420   |     |     |      |

&lt;210&gt; 6

&lt;211&gt; 422

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 6

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Ala | Thr | Leu | Lys | Cys | Ile | Asp | Trp | Gln | Phe | Ser | Gly | Ser | Glu | Ala |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ala | Lys | Asp | Ala | Ala | Ala | Ala | Ser | Leu | Gly | Ser | Tyr | Thr | Ser | Ala | Leu |
|     |     |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Tyr | Ala | Leu | Cys | Asp | Pro | His | Gly | Lys | Pro | Ile | Leu | Pro | Pro | Arg | Asn |
|     |     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Glu | Ile | Leu | Glu | Thr | Ser | Asn | Thr | Ala | Glu | Lys | Ala | Val | Val | Lys | Ala |
|     |     |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Val | Leu | Tyr | Gly | Ser | Gly | Asn | Ala | Tyr | Ala | Pro | Ser | Leu | Gly | Leu | Ala |
|     |     |     | 65  |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ala | Ala | Lys | Ser | Ala | Val | Ala | Glu | Tyr | Leu | Asn | Gln | Gly | Leu | Pro | Lys |
|     |     |     |     |     |     | 85  |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |

Lys Leu Thr Ala Asp Asp Val Phe Met Thr Leu Gly Cys Lys Gln Ala  
 100 105 110  
 Ile Glu Leu Ala Val Asp Ile Leu Ala Lys Pro Lys Ala Asn Val Leu  
 115 120 125  
 Leu Pro Ser Pro Gly Phe Pro Trp Asp Leu Val Arg Ser Ile Tyr Lys  
 130 135 140  
 Asn Leu Glu Val Arg His Tyr Asn Phe Leu Pro Glu Lys Asn Phe Glu  
 145 150 155 160  
 Ile Asp Phe Asp Ser Val Arg Ala Leu Val Asp Glu Asn Thr Phe Ala  
 165 170 175  
 Ile Phe Ile Ile Asn Pro His Asn Pro Asn Gly Asn Thr Tyr Ser Glu  
 180 185 190  
 Ala His Leu Lys Gln Leu Ala Glu Leu Ala Lys Glu Leu Lys Ile Met  
 195 200 205  
 Val Val Ser Asp Glu Val Phe Arg Trp Thr Leu Phe Gly Ser Asn Pro  
 210 215 220  
 Phe Val Pro Met Gly Lys Phe Ser Ser Ile Val Pro Val Val Thr Leu  
 225 230 235 240  
 Gly Ser Ile Ser Lys Gly Trp Lys Val Pro Gly Trp Arg Thr Gly Trp  
 245 250 255  
 Leu Thr Leu His Asp Leu Asp Gly Val Phe Arg Asn Thr Lys Val Leu  
 260 265 270  
 Gln Ala Ala Gln Asp Phe Leu Gln Ile Asn Asn Asn Pro Pro Thr Val  
 275 280 285  
 Ile Gln Ala Ala Ile Pro Asp Ile Leu Glu Lys Thr Pro Gln Glu Phe  
 290 295 300  
 Phe Asp Lys Arg Gln Ser Phe Leu Lys Asp Lys Val Glu Phe Gly Tyr  
 305 310 315 320  
 Ser Lys Leu Lys Tyr Ile Pro Ser Leu Thr Cys Tyr Met Lys Pro Glu  
 325 330 335  
 Ala Cys Thr Phe Leu Trp Thr Glu Leu Asp Leu Ser Ser Phe Val Asp  
 340 345 350  
 Ile Glu Asp Asp Gln Asp Phe Cys Asn Lys Leu Ala Lys Glu Glu Asn

|   |     |         |
|---|-----|---------|
| 355   | 360 | 365     |
| Leu Val Val Leu Pro Gly Ile Ala Phe Ser Gln Lys Asn Trp Leu Arg |     |         |
| 370   | 375 | 380     |
| His Ser Ile Asp Met Glu Thr Pro Val Leu Glu Asp Ala Leu Glu Arg |     |         |
| 385   | 390 | 395 400 |
| Leu Lys Ser Phe Cys Asp Arg His Ser Asn Lys Lys Ala Pro Leu Lys |     |         |
| 405   | 410 | 415     |
| Asp Val Asn Gly Val Lys   |     |         |
| 420   |     |         |
| <210> 7   |     |         |
| <211> 1334  |     |         |
| <212> DNA   |     |         |
| <213> Arabidopsis thaliana                                      |     |         |
| <220>   |     |         |
| <221> CDS   |     |         |
| <222> (1)..(1332)   |     |         |
| <400> 7   |     |         |
| atg gcg agc aac gga gtt acc aac tgt aac gca aac gcc aat gtt tgg |     | 48      |
| Met Ala Ser Asn Gly Val Thr Asn Cys Asn Ala Asn Ala Asn Val Trp |     |         |
| 1 5 10 15   |     |         |
| cgg ttc aaa gga aac ggt gca acg agt gat gcg acg gcg gtg acg ttg |     | 96      |
| Arg Phe Lys Gly Asn Gly Ala Thr Ser Asp Ala Thr Ala Val Thr Leu |     |         |
| 20 25 30  |     |         |
| aga aag ctt gct ttt ggg atg ttt aaa aac tgc acc atg aac agt gga |     | 144     |
| Arg Lys Leu Ala Phe Gly Met Phe Lys Asn Cys Thr Met Asn Ser Gly |     |         |
| 35 40 45  |     |         |
| aag acc att ttg ttc cca act ccc ggc gag ccc tcc gcc cat tcc aac |     | 192     |
| Lys Thr Ile Leu Phe Pro Thr Pro Gly Glu Pro Ser Ala His Ser Asn |     |         |
| 50 55 60  |     |         |
| ttc agg act tgc ccg gaa gcc gag gaa gcc gtt gcc gac gct gca cgc |     | 240     |
| Phe Arg Thr Cys Pro Glu Ala Glu Glu Ala Val Ala Asp Ala Ala Arg |     |         |
| 65 70 75 80   |     |         |
| tcc ggc atg gct aac tct tac gca ccc agc cct gga gtt ttc aag gct |     | 288     |
| Ser Gly Met Ala Asn Ser Tyr Ala Pro Ser Pro Gly Val Phe Lys Ala |     |         |
| 85 90 95  |     |         |
| aga agg gcg gtg gct gaa tat tta aac gga gaa ctt ccg acg aag ctg |     | 336     |

|   |     |
|---|-----|
| Arg Arg Ala Val Ala Glu Tyr Leu Asn Gly Glu Leu Pro Thr Lys Leu |     |
| 100 105 110   |     |
| aag gcc gag gat gtg tat atc acc gga gga tgt aac caa gcc ata gag | 384 |
| Lys Ala Glu Asp Val Tyr Ile Thr Gly Gly Cys Asn Gln Ala Ile Glu |     |
| 115 120 125   |     |
| atc gtg ata gat tct ctt gcc gga aat cca tcc acc aac att cta ctt | 432 |
| Ile Val Ile Asp Ser Leu Ala Gly Asn Pro Ser Thr Asn Ile Leu Leu |     |
| 130 135 140   |     |
| cca agg ccg ggg tat cct cac tac gat gct cgt gct gtc tat agc ggc | 480 |
| Pro Arg Pro Gly Tyr Pro His Tyr Asp Ala Arg Ala Val Tyr Ser Gly |     |
| 145 150 155 160   |     |
| ctc gag att cgc gaa tac gat ctt ctc ccc gag agt gat tgg gaa atc | 528 |
| Leu Glu Ile Arg Glu Tyr Asp Leu Leu Pro Glu Ser Asp Trp Glu Ile |     |
| 165 170 175   |     |
| aat ctc gat ggc ctc gag gcg gct gcg gat gag aat acc gtc gca atg | 576 |
| Asn Leu Asp Gly Leu Glu Ala Ala Ala Asp Glu Asn Thr Val Ala Met |     |
| 180 185 190   |     |
| gta atc atc aac ccc aac aat cca tgt gga aac gtc tac acc tac gac | 624 |
| Val Ile Ile Asn Pro Asn Asn Pro Cys Gly Asn Val Tyr Thr Tyr Asp |     |
| 195 200 205   |     |
| cat ctc aac aag gtc gcg gag atg gct aga aaa ctc ggt ata atg ata | 672 |
| His Leu Asn Lys Val Ala Glu Met Ala Arg Lys Leu Gly Ile Met Ile |     |
| 210 215 220   |     |
| ata tcc gac gaa gta tat gat cat gtt gta tat gga gac aag cct ttt | 720 |
| Ile Ser Asp Glu Val Tyr Asp His Val Val Tyr Gly Asp Lys Pro Phe |     |
| 225 230 235 240   |     |
| att ccc atg ggg aag ttt gca tca ata gct ccg gtg atc acg ctc gga | 768 |
| Ile Pro Met Gly Lys Phe Ala Ser Ile Ala Pro Val Ile Thr Leu Gly |     |
| 245 250 255   |     |
| tcc ata tcc aaa gga tgg gtc aac cca ggc tgg aga gtt ggc tgg atc | 816 |
| Ser Ile Ser Lys Gly Trp Val Asn Pro Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile |     |
| 260 265 270   |     |
| gcc atg aac gat cct aat ggt atc ttt gta tct aca ggg gta gtt caa | 864 |
| Ala Met Asn Asp Pro Asn Gly Ile Phe Val Ser Thr Gly Val Val Gln |     |
| 275 280 285   |     |
| gca ata gag gat ttt ctt gat tta act cca cag cct tca ttt att ctc | 912 |
| Ala Ile Glu Asp Phe Leu Asp Leu Thr Pro Gln Pro Ser Phe Ile Leu |     |
| 290 295 300   |     |

cag gaa gca ctt cct gat ata ttg gag aaa aca cct aaa gag ttc ttc 960  
 Gln Glu Ala Leu Pro Asp Ile Leu Glu Lys Thr Pro Lys Glu Phe Phe  
 305 310 315 320  
 gag aag aag atc aaa gcc atg aga cgc aac gtc gag ctt tca tgt gag 1008  
 Glu Lys Lys Ile Lys Ala Met Arg Arg Asn Val Glu Leu Ser Cys Glu  
 325 330 335  
 agg ctc aag gat att cct tgt ctc ttt tgt ccc aag aaa ccc gaa tct 1056  
 Arg Leu Lys Asp Ile Pro Cys Leu Phe Cys Pro Lys Lys Pro Glu Ser  
 340 345 350  
 tgt tct tat tta tgg ttg aag ctt gac aca tca atg ttg aat aat atc 1104  
 Cys Ser Tyr Leu Trp Leu Lys Leu Asp Thr Ser Met Leu Asn Asn Ile  
 355 360 365  
 aaa aat gat ttt gat ttc tgc acg aag cta gtt agt gag gag agt ctt 1152  
 Lys Asn Asp Phe Asp Phe Cys Thr Lys Leu Val Ser Glu Glu Ser Leu  
 370 375 380  
 atc ctt ata cca gga gtg gct cta ggg gca gag aat tgg gtg agg ata 1200  
 Ile Leu Ile Pro Gly Val Ala Leu Gly Ala Glu Asn Trp Val Arg Ile  
 385 390 395 400  
 tcg ata gga acc gac gaa tca gtg gta caa gaa ata ttt gac aga cta 1248  
 Ser Ile Gly Thr Asp Glu Ser Val Val Gln Glu Ile Phe Asp Arg Leu  
 405 410 415  
 aaa ggt ttc tat gat cgt cat gcc atc tcc aag gaa gct atc aaa ctc 1296  
 Lys Gly Phe Tyr Asp Arg His Ala Ile Ser Lys Glu Ala Ile Lys Leu  
 420 425 430  
 agt ggc cat gcc att aac cag atc gtc gtc tct gtc aa 1334  
 Ser Gly His Ala Ile Asn Gln Ile Val Val Ser Val  
 435 440

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 444

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 8

Met Ala Ser Asn Gly Val Thr Asn Cys Asn Ala Asn Ala Asn Val Trp  
 1 5 10 15

Arg Phe Lys Gly Asn Gly Ala Thr Ser Asp Ala Thr Ala Val Thr Leu  
 20 25 30

Arg Lys Leu Ala Phe Gly Met Phe Lys Asn Cys Thr Met Asn Ser Gly  
 35 40 45  
 Lys Thr Ile Leu Phe Pro Thr Pro Gly Glu Pro Ser Ala His Ser Asn  
 50 55 60  
 Phe Arg Thr Cys Pro Glu Ala Glu Glu Ala Val Ala Asp Ala Ala Arg  
 65 70 75 80  
 Ser Gly Met Ala Asn Ser Tyr Ala Pro Ser Pro Gly Val Phe Lys Ala  
 85 90 95  
 Arg Arg Ala Val Ala Glu Tyr Leu Asn Gly Glu Leu Pro Thr Lys Leu  
 100 105 110  
 Lys Ala Glu Asp Val Tyr Ile Thr Gly Gly Cys Asn Gln Ala Ile Glu  
 115 120 125  
 Ile Val Ile Asp Ser Leu Ala Gly Asn Pro Ser Thr Asn Ile Leu Leu  
 130 135 140  
 Pro Arg Pro Gly Tyr Pro His Tyr Asp Ala Arg Ala Val Tyr Ser Gly  
 145 150 155 160  
 Leu Glu Ile Arg Glu Tyr Asp Leu Leu Pro Glu Ser Asp Trp Glu Ile  
 165 170 175  
 Asn Leu Asp Gly Leu Glu Ala Ala Ala Asp Glu Asn Thr Val Ala Met  
 180 185 190  
 Val Ile Ile Asn Pro Asn Asn Pro Cys Gly Asn Val Tyr Thr Tyr Asp  
 195 200 205  
 His Leu Asn Lys Val Ala Glu Met Ala Arg Lys Leu Gly Ile Met Ile  
 210 215 220  
 Ile Ser Asp Glu Val Tyr Asp His Val Val Tyr Gly Asp Lys Pro Phe  
 225 230 235 240  
 Ile Pro Met Gly Lys Phe Ala Ser Ile Ala Pro Val Ile Thr Leu Gly  
 245 250 255  
 Ser Ile Ser Lys Gly Trp Val Asn Pro Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile  
 260 265 270  
 Ala Met Asn Asp Pro Asn Gly Ile Phe Val Ser Thr Gly Val Val Gln  
 275 280 285  
 Ala Ile Glu Asp Phe Leu Asp Leu Thr Pro Gln Pro Ser Phe Ile Leu  
 290 295 300

Gln Glu Ala Leu Pro Asp Ile Leu Glu Lys Thr Pro Lys Glu Phe Phe  
 305 310 315 320

Glu Lys Lys Ile Lys Ala Met Arg Arg Asn Val Glu Leu Ser Cys Glu  
 325 330 335

Arg Leu Lys Asp Ile Pro Cys Leu Phe Cys Pro Lys Lys Pro Glu Ser  
 340 345 350

Cys Ser Tyr Leu Trp Leu Lys Leu Asp Thr Ser Met Leu Asn Asn Ile  
 355 360 365

Lys Asn Asp Phe Asp Phe Cys Thr Lys Leu Val Ser Glu Glu Ser Leu  
 370 375 380

Ile Leu Ile Pro Gly Val Ala Leu Gly Ala Glu Asn Trp Val Arg Ile  
 385 390 395 400

Ser Ile Gly Thr Asp Glu Ser Val Val Gln Glu Ile Phe Asp Arg Leu  
 405 410 415

Lys Gly Phe Tyr Asp Arg His Ala Ile Ser Lys Glu Ala Ile Lys Leu  
 420 425 430

Ser Gly His Ala Ile Asn Gln Ile Val Val Ser Val  
 435 440

<210> 9

<211> 1389

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1389)

<400> 9

atg agc gaa gaa caa caa cac gcc aat cta gcg gtt ccc gcg ttt aaa 48  
 Met Ser Glu Glu Gln Gln His Ala Asn Leu Ala Val Pro Ala Phe Lys  
 1 5 10 15

act gag aaa gat ccc gta acg caa acg caa aat ggt caa agt agc gtt 96  
 Thr Glu Lys Asp Pro Val Thr Gln Thr Gln Asn Gly Gln Ser Ser Val  
 20 25 30

tgg cgt ttc ggt gga agt gat aag gca gcg aaa gca tcc acc gta acg 144  
 Trp Arg Phe Gly Gly Ser Asp Lys Ala Ala Lys Ala Ser Thr Val Thr  
 35 40 45

|   |     |
|---|-----|
| ctt aga ggt gtc atc tac atg ctc ttc gac aac tgc agc aaa gac gtc | 192 |
| Leu Arg Gly Val Ile Tyr Met Leu Phe Asp Asn Cys Ser Lys Asp Val |     |
| 50 55 60  |     |
| aat aag acc att tta ccc ctc ggc cac ggt gac cct tcc gtc tac cct | 240 |
| Asn Lys Thr Ile Leu Pro Leu Gly His Gly Asp Pro Ser Val Tyr Pro |     |
| 65 70 75 80   |     |
| tgc ttc cgt acc tgt atc gaa gct gaa gac gcc gtc gtc gac gtc ctt | 288 |
| Cys Phe Arg Thr Cys Ile Glu Ala Glu Asp Ala Val Val Asp Val Leu |     |
| 85 90 95  |     |
| cgc tcc ggc aaa ggc aat tct tac ggt ccc gga gct ggg att ctc ccc | 336 |
| Arg Ser Gly Lys Gly Asn Ser Tyr Gly Pro Gly Ala Gly Ile Leu Pro |     |
| 100 105 110   |     |
| gca aga cga gcc gtt gct gat tat atg aac cga gat ctt ccg cac aag | 384 |
| Ala Arg Arg Ala Val Ala Asp Tyr Met Asn Arg Asp Leu Pro His Lys |     |
| 115 120 125   |     |
| tta acg ccc gaa gat att ttt ctg acc gct gga tgc aac caa ggg ata | 432 |
| Leu Thr Pro Glu Asp Ile Phe Leu Thr Ala Gly Cys Asn Gln Gly Ile |     |
| 130 135 140   |     |
| gag atc gtg ttc gaa tcg ttg gct cga cca aac gca aac atc ttg ctc | 480 |
| Glu Ile Val Phe Glu Ser Leu Ala Arg Pro Asn Ala Asn Ile Leu Leu |     |
| 145 150 155 160   |     |
| cca cgt cct ggc ttc cct cat tac gac gct cgt gct gct tac agt ggt | 528 |
| Pro Arg Pro Gly Phe Pro His Tyr Asp Ala Arg Ala Ala Tyr Ser Gly |     |
| 165 170 175   |     |
| ctc gag gtt cgc aag ttt gat ctt ctt ccc gag aaa gaa tgg gag att | 576 |
| Leu Glu Val Arg Lys Phe Asp Leu Leu Pro Glu Lys Glu Trp Glu Ile |     |
| 180 185 190   |     |
| gat ctt gaa ggt atc gaa gcc att gca gac gag aaa act gtg gct atg | 624 |
| Asp Leu Glu Gly Ile Glu Ala Ile Ala Asp Glu Lys Thr Val Ala Met |     |
| 195 200 205   |     |
| gtt gta att aac ccc aac aat ccc tgt gga aat gtc tac tct cac gac | 672 |
| Val Val Ile Asn Pro Asn Asn Pro Cys Gly Asn Val Tyr Ser His Asp |     |
| 210 215 220   |     |
| cat ctc aaa aag gtt gca gag acg gct agg aag ctc ggg ata atg gtg | 720 |
| His Leu Lys Lys Val Ala Glu Thr Ala Arg Lys Leu Gly Ile Met Val |     |
| 225 230 235 240   |     |
| atc tca gac gaa gta tat gac cga act ata ttc gga gac aat cca ttt | 768 |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Ile | Ser | Asp | Glu | Val | Tyr | Asp | Arg | Thr | Ile | Phe | Gly | Asp | Asn | Pro | Phe |      |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |
| ggt | cca | atg | ggg | aag | ttt | gct | tcg | ata | gtc | cct | gta | ttg | aca | cta | gca | 816  |
| Val | Pro | Met | Gly | Lys | Phe | Ala | Ser | Ile | Val | Pro | Val | Leu | Thr | Leu | Ala |      |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     | 270 |     |     |     |      |
| ggc | ata | tct | aag | gga | tgg | gtt | gtt | cct | gga | tgg | aaa | att | ggc | tgg | att | 864  |
| Gly | Ile | Ser | Lys | Gly | Trp | Val | Val | Pro | Gly | Trp | Lys | Ile | Gly | Trp | Ile |      |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |
| gcc | ttg | aat | gat | ccc | gag | ggc | gtt | ttc | gag | acc | acc | aag | gtg | tta | caa | 912  |
| Ala | Leu | Asn | Asp | Pro | Glu | Gly | Val | Phe | Glu | Thr | Thr | Lys | Val | Leu | Gln |      |
|     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |
| tcc | atc | aaa | cag | aat | ctt | gac | gta | act | cct | gac | cct | gcc | aca | ata | att | 960  |
| Ser | Ile | Lys | Gln | Asn | Leu | Asp | Val | Thr | Pro | Asp | Pro | Ala | Thr | Ile | Ile |      |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |      |
| cag | gct | gca | ctt | cca | gcg | atc | ctg | gag | aaa | gcg | gac | aaa | aac | ttc | ttt | 1008 |
| Gln | Ala | Ala | Leu | Pro | Ala | Ile | Leu | Glu | Lys | Ala | Asp | Lys | Asn | Phe | Phe |      |
|     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |     |      |
| gca | aag | aag | aac | aag | ata | ctc | aaa | cat | aat | gtt | gat | ttg | gtg | tgt | gat | 1056 |
| Ala | Lys | Lys | Asn | Lys | Ile | Leu | Lys | His | Asn | Val | Asp | Leu | Val | Cys | Asp |      |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     | 350 |     |     |     |      |
| agg | ctc | aag | gac | atc | ccc | tgt | gtc | gtc | tgt | ccc | aag | aaa | cct | gag | tct | 1104 |
| Arg | Leu | Lys | Asp | Ile | Pro | Cys | Val | Val | Cys | Pro | Lys | Lys | Pro | Glu | Ser |      |
|     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |
| tgc | act | tac | tta | ttg | aca | aag | ttg | gag | ctg | tca | ctg | atg | gat | aat | atc | 1152 |
| Cys | Thr | Tyr | Leu | Leu | Thr | Lys | Leu | Glu | Leu | Ser | Leu | Met | Asp | Asn | Ile |      |
|     |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |
| aag | gac | gat | ata | gat | ttt | tgc | gta | aaa | ctg | gcc | aga | gag | gag | aat | ctc | 1200 |
| Lys | Asp | Asp | Ile | Asp | Phe | Cys | Val | Lys | Leu | Ala | Arg | Glu | Glu | Asn | Leu |      |
| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |      |
| gtg | ttt | cta | cca | ggg | gat | gct | ctg | ggt | ttg | aag | aac | tgg | acg | agg | ata | 1248 |
| Val | Phe | Leu | Pro | Gly | Asp | Ala | Leu | Gly | Leu | Lys | Asn | Trp | Thr | Arg | Ile |      |
|     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     | 415 |     |     |     |      |
| acc | atc | gga | gtc | gaa | gct | cat | atg | ctt | gag | gat | gca | ctt | gag | aga | ctg | 1296 |
| Thr | Ile | Gly | Val | Glu | Ala | His | Met | Leu | Glu | Asp | Ala | Leu | Glu | Arg | Leu |      |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     | 430 |     |     |     |      |
| aag | ggt | ttc | tgt | aca | cgt | cat | gcc | aag | aag | aca | gag | aca | gaa | act | gag | 1344 |
| Lys | Gly | Phe | Cys | Thr | Arg | His | Ala | Lys | Lys | Thr | Glu | Thr | Glu | Thr | Glu |      |
|     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |

tca ctt caa gct ttg aaa ctg agt gat aat aat ctc gaa atg taa 1389  
 Ser Leu Gln Ala Leu Lys Leu Ser Asp Asn Asn Leu Glu Met  
 450 455 460

<210> 10

<211> 462

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 10

Met Ser Glu Glu Gln Gln His Ala Asn Leu Ala Val Pro Ala Phe Lys  
 1 5 10 15

Thr Glu Lys Asp Pro Val Thr Gln Thr Gln Asn Gly Gln Ser Ser Val  
 20 25 30

Trp Arg Phe Gly Gly Ser Asp Lys Ala Ala Lys Ala Ser Thr Val Thr  
 35 40 45

Leu Arg Gly Val Ile Tyr Met Leu Phe Asp Asn Cys Ser Lys Asp Val  
 50 55 60

Asn Lys Thr Ile Leu Pro Leu Gly His Gly Asp Pro Ser Val Tyr Pro  
 65 70 75 80

Cys Phe Arg Thr Cys Ile Glu Ala Glu Asp Ala Val Val Asp Val Leu  
 85 90 95

Arg Ser Gly Lys Gly Asn Ser Tyr Gly Pro Gly Ala Gly Ile Leu Pro  
 100 105 110

Ala Arg Arg Ala Val Ala Asp Tyr Met Asn Arg Asp Leu Pro His Lys  
 115 120 125

Leu Thr Pro Glu Asp Ile Phe Leu Thr Ala Gly Cys Asn Gln Gly Ile  
 130 135 140

Glu Ile Val Phe Glu Ser Leu Ala Arg Pro Asn Ala Asn Ile Leu Leu  
 145 150 155 160

Pro Arg Pro Gly Phe Pro His Tyr Asp Ala Arg Ala Ala Tyr Ser Gly  
 165 170 175

Leu Glu Val Arg Lys Phe Asp Leu Leu Pro Glu Lys Glu Trp Glu Ile  
 180 185 190

Asp Leu Glu Gly Ile Glu Ala Ile Ala Asp Glu Lys Thr Val Ala Met  
 195 200 205

Val Val Ile Asn Pro Asn Asn Pro Cys Gly Asn Val Tyr Ser His Asp  
 210 215 220

His Leu Lys Lys Val Ala Glu Thr Ala Arg Lys Leu Gly Ile Met Val  
 225 230 235 240

Ile Ser Asp Glu Val Tyr Asp Arg Thr Ile Phe Gly Asp Asn Pro Phe  
 245 250 255

Val Pro Met Gly Lys Phe Ala Ser Ile Val Pro Val Leu Thr Leu Ala  
 260 265 270

Gly Ile Ser Lys Gly Trp Val Val Pro Gly Trp Lys Ile Gly Trp Ile  
 275 280 285

Ala Leu Asn Asp Pro Glu Gly Val Phe Glu Thr Thr Lys Val Leu Gln  
 290 295 300

Ser Ile Lys Gln Asn Leu Asp Val Thr Pro Asp Pro Ala Thr Ile Ile  
 305 310 315 320

Gln Ala Ala Leu Pro Ala Ile Leu Glu Lys Ala Asp Lys Asn Phe Phe  
 325 330 335

Ala Lys Lys Asn Lys Ile Leu Lys His Asn Val Asp Leu Val Cys Asp  
 340 345 350

Arg Leu Lys Asp Ile Pro Cys Val Val Cys Pro Lys Lys Pro Glu Ser  
 355 360 365

Cys Thr Tyr Leu Leu Thr Lys Leu Glu Leu Ser Leu Met Asp Asn Ile  
 370 375 380

Lys Asp Asp Ile Asp Phe Cys Val Lys Leu Ala Arg Glu Glu Asn Leu  
 385 390 395 400

Val Phe Leu Pro Gly Asp Ala Leu Gly Leu Lys Asn Trp Thr Arg Ile  
 405 410 415

Thr Ile Gly Val Glu Ala His Met Leu Glu Asp Ala Leu Glu Arg Leu  
 420 425 430

Lys Gly Phe Cys Thr Arg His Ala Lys Lys Thr Glu Thr Glu Thr Glu  
 435 440 445

Ser Leu Gln Ala Leu Lys Leu Ser Asp Asn Asn Leu Glu Met  
 450 455 460

<210> 11  
 <211> 1243  
 <212> DNA  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1242)

<400> 11  
 atg gag aat gga gca acg acg acg agc aca att acc atc aaa ggg att 48  
 Met Glu Asn Gly Ala Thr Thr Thr Ser Thr Ile Thr Ile Lys Gly Ile  
 1 5 10 15  
 ctg agt ttg cta atg gaa agc atc aca aca gag gaa gat gaa gga gga 96  
 Leu Ser Leu Leu Met Glu Ser Ile Thr Thr Glu Glu Asp Glu Gly Gly  
 20 25 30  
 aag aga gta ata tct ctg gga atg gga gac cca aca ctc tac tcg tgt 144  
 Lys Arg Val Ile Ser Leu Gly Met Gly Asp Pro Thr Leu Tyr Ser Cys  
 35 40 45  
 ttt cgt aca aca caa gtc tct ctt caa gct gtt tct gat tct ctt ctc 192  
 Phe Arg Thr Thr Gln Val Ser Leu Gln Ala Val Ser Asp Ser Leu Leu  
 50 55 60  
 tcc aac aag ttc cat ggt tac tct cct acc gtc ggt ctt ccc caa gct 240  
 Ser Asn Lys Phe His Gly Tyr Ser Pro Thr Val Gly Leu Pro Gln Ala  
 65 70 75 80  
 cga agg gca ata gca gag tat cta tcg cgt gat ctt cca tac aaa ctt 288  
 Arg Arg Ala Ile Ala Glu Tyr Leu Ser Arg Asp Leu Pro Tyr Lys Leu  
 85 90 95  
 tca cag gat gat gtg ttt atc aca tcg ggt tgc acg caa gcg atc gat 336  
 Ser Gln Asp Asp Val Phe Ile Thr Ser Gly Cys Thr Gln Ala Ile Asp  
 100 105 110  
 gta gca ttg tcg atg tta gct cgt ccc agg gct aat ata ctt ctt cca 384  
 Val Ala Leu Ser Met Leu Ala Arg Pro Arg Ala Asn Ile Leu Leu Pro  
 115 120 125  
 agg cct ggt ttc cca atc tat gaa ctc tgt gct aag ttt aga cac ctt 432  
 Arg Pro Gly Phe Pro Ile Tyr Glu Leu Cys Ala Lys Phe Arg His Leu  
 130 135 140  
 gaa gtt cgc tac gtc gat ctt ctt ccg gaa aat gga tgg gag atc gat 480  
 Glu Val Arg Tyr Val Asp Leu Leu Pro Glu Asn Gly Trp Glu Ile Asp  
 145 150 155 160

|   |      |
|---|------|
| ctt gat gct gtc gag gct ctt gca gac gaa aac acg gtt gct ttg gtt | 528  |
| Leu Asp Ala Val Glu Ala Leu Ala Asp Glu Asn Thr Val Ala Leu Val |      |
| 165 170 175   |      |
| gtt ata aac cct ggt aat cct tgc ggg aat gtc tat agc tac cag cat | 576  |
| Val Ile Asn Pro Gly Asn Pro Cys Gly Asn Val Tyr Ser Tyr Gln His |      |
| 180 185 190   |      |
| ttg atg aag att gcg gaa tcg gcg aaa aaa cta ggg ttt ctt gtg att | 624  |
| Leu Met Lys Ile Ala Glu Ser Ala Lys Lys Leu Gly Phe Leu Val Ile |      |
| 195 200 205   |      |
| gct gat gag gtt tac ggt cat ctt gct ttt ggt agc aaa ccg ttt gtg | 672  |
| Ala Asp Glu Val Tyr Gly His Leu Ala Phe Gly Ser Lys Pro Phe Val |      |
| 210 215 220   |      |
| cca atg ggt gtg ttt gga tct att gtt cct gtg ctt act ctt ggc tct | 720  |
| Pro Met Gly Val Phe Gly Ser Ile Val Pro Val Leu Thr Leu Gly Ser |      |
| 225 230 235 240   |      |
| tta tca aag aga tgg ata gtt cca ggt tgg cga ctc ggg tgg ttt gtc | 768  |
| Leu Ser Lys Arg Trp Ile Val Pro Gly Trp Arg Leu Gly Trp Phe Val |      |
| 245 250 255   |      |
| acc act gat cct tct ggt tcc ttt aag gac cct aag atc att gag agg | 816  |
| Thr Thr Asp Pro Ser Gly Ser Phe Lys Asp Pro Lys Ile Ile Glu Arg |      |
| 260 265 270   |      |
| ttt aag aaa tac ttt gat att ctt ggt gga cca gct aca ttt att cag | 864  |
| Phe Lys Lys Tyr Phe Asp Ile Leu Gly Gly Pro Ala Thr Phe Ile Gln |      |
| 275 280 285   |      |
| gct gca gtt ccc act att ttg gaa cag acg gat gag tct ttc ttc aag | 912  |
| Ala Ala Val Pro Thr Ile Leu Glu Gln Thr Asp Glu Ser Phe Phe Lys |      |
| 290 295 300   |      |
| aaa acc ttg aac tcg ttg aag aac tct tcg gat att tgt tgt gac tgg | 960  |
| Lys Thr Leu Asn Ser Leu Lys Asn Ser Ser Asp Ile Cys Cys Asp Trp |      |
| 305 310 315 320   |      |
| atc aag gag att cct tgc att gat tcc tcg cat cga cca gaa gga tcc | 1008 |
| Ile Lys Glu Ile Pro Cys Ile Asp Ser Ser His Arg Pro Glu Gly Ser |      |
| 325 330 335   |      |
| atg gca atg atg gtc aag ctg aat ctc tca tta ctt gaa gat gta agt | 1056 |
| Met Ala Met Met Val Lys Leu Asn Leu Ser Leu Leu Glu Asp Val Ser |      |
| 340 345 350   |      |
| gac gat atc gac ttc tgt ttc aag tta gct agg gaa gaa tca gtc atc | 1104 |
| Asp Asp Ile Asp Phe Cys Phe Lys Leu Ala Arg Glu Glu Ser Val Ile |      |

355                      360                      365  
 ctt ctt cct ggt acc gcg gtg ggg ctg aag aac tgg ctg agg ata acg 1152  
 Leu Leu Pro Gly Thr Ala Val Gly Leu Lys Asn Trp Leu Arg Ile Thr  
 370                      375                      380  
  
 ttt gca gca gat gca act tcg att gaa gaa gct ttt aaa agg atc aaa 1200  
 Phe Ala Ala Asp Ala Thr Ser Ile Glu Glu Ala Phe Lys Arg Ile Lys  
 385                      390                      395                      400  
  
 tgt ttc tat ctt aga cat gcc aag act caa tat cca acc ata t 1243  
 Cys Phe Tyr Leu Arg His Ala Lys Thr Gln Tyr Pro Thr Ile  
 405                      410  
  
 <210> 12  
 <211> 414  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana  
  
 <400> 12  
 Met Glu Asn Gly Ala Thr Thr Thr Ser Thr Ile Thr Ile Lys Gly Ile  
 1                      5                      10                      15  
  
 Leu Ser Leu Leu Met Glu Ser Ile Thr Thr Glu Glu Asp Glu Gly Gly  
 20                      25                      30  
  
 Lys Arg Val Ile Ser Leu Gly Met Gly Asp Pro Thr Leu Tyr Ser Cys  
 35                      40                      45  
  
 Phe Arg Thr Thr Gln Val Ser Leu Gln Ala Val Ser Asp Ser Leu Leu  
 50                      55                      60  
  
 Ser Asn Lys Phe His Gly Tyr Ser Pro Thr Val Gly Leu Pro Gln Ala  
 65                      70                      75                      80  
  
 Arg Arg Ala Ile Ala Glu Tyr Leu Ser Arg Asp Leu Pro Tyr Lys Leu  
 85                      90                      95  
  
 Ser Gln Asp Asp Val Phe Ile Thr Ser Gly Cys Thr Gln Ala Ile Asp  
 100                      105                      110  
  
 Val Ala Leu Ser Met Leu Ala Arg Pro Arg Ala Asn Ile Leu Leu Pro  
 115                      120                      125  
  
 Arg Pro Gly Phe Pro Ile Tyr Glu Leu Cys Ala Lys Phe Arg His Leu  
 130                      135                      140  
  
 Glu Val Arg Tyr Val Asp Leu Leu Pro Glu Asn Gly Trp Glu Ile Asp  
 145                      150                      155                      160

Leu Asp Ala Val Glu Ala Leu Ala Asp Glu Asn Thr Val Ala Leu Val  
 165 170 175

Val Ile Asn Pro Gly Asn Pro Cys Gly Asn Val Tyr Ser Tyr Gln His  
 180 185 190

Leu Met Lys Ile Ala Glu Ser Ala Lys Lys Leu Gly Phe Leu Val Ile  
 195 200 205

Ala Asp Glu Val Tyr Gly His Leu Ala Phe Gly Ser Lys Pro Phe Val  
 210 215 220

Pro Met Gly Val Phe Gly Ser Ile Val Pro Val Leu Thr Leu Gly Ser  
 225 230 235 240

Leu Ser Lys Arg Trp Ile Val Pro Gly Trp Arg Leu Gly Trp Phe Val  
 245 250 255

Thr Thr Asp Pro Ser Gly Ser Phe Lys Asp Pro Lys Ile Ile Glu Arg  
 260 265 270

Phe Lys Lys Tyr Phe Asp Ile Leu Gly Gly Pro Ala Thr Phe Ile Gln  
 275 280 285

Ala Ala Val Pro Thr Ile Leu Glu Gln Thr Asp Glu Ser Phe Phe Lys  
 290 295 300

Lys Thr Leu Asn Ser Leu Lys Asn Ser Ser Asp Ile Cys Cys Asp Trp  
 305 310 315 320

Ile Lys Glu Ile Pro Cys Ile Asp Ser Ser His Arg Pro Glu Gly Ser  
 325 330 335

Met Ala Met Met Val Lys Leu Asn Leu Ser Leu Leu Glu Asp Val Ser  
 340 345 350

Asp Asp Ile Asp Phe Cys Phe Lys Leu Ala Arg Glu Glu Ser Val Ile  
 355 360 365

Leu Leu Pro Gly Thr Ala Val Gly Leu Lys Asn Trp Leu Arg Ile Thr  
 370 375 380

Phe Ala Ala Asp Ala Thr Ser Ile Glu Glu Ala Phe Lys Arg Ile Lys  
 385 390 395 400

Cys Phe Tyr Leu Arg His Ala Lys Thr Gln Tyr Pro Thr Ile  
 405 410

<210> 13  
 <211> 1338  
 <212> DNA  
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1338)

<400> 13  
 atg ggc cac caa aac gcc gcc gtt tca gag aat caa aac cat gat gac 48  
 Met Gly His Gln Asn Ala Ala Val Ser Glu Asn Gln Asn His Asp Asp  
 1 5 10 15  
 ggc gct gcg tcg tcg ccg gga ttc aag ctc gtc gga ttt tcc aag ttc 96  
 Gly Ala Ala Ser Ser Pro Gly Phe Lys Leu Val Gly Phe Ser Lys Phe  
 20 25 30  
 gta aga aag aat cca aag tct gat aaa ttc aag gtt aag cgc ttc cat 144  
 Val Arg Lys Asn Pro Lys Ser Asp Lys Phe Lys Val Lys Arg Phe His  
 35 40 45  
 cac atc gag ttc tgg tgc gcc gac gca acc aac gtc gct cgt cgc ttc 192  
 His Ile Glu Phe Trp Cys Gly Asp Ala Thr Asn Val Ala Arg Arg Phe  
 50 55 60  
 tcc tgg ggt ctg ggg atg aga ttc tcc gcc aaa tcc gat ctt tcc acc 240  
 Ser Trp Gly Leu Gly Met Arg Phe Ser Ala Lys Ser Asp Leu Ser Thr  
 65 70 75 80  
 gga aac atg gtt cac gcc tct tac cta ctc acc tcc ggt gac ctc cga 288  
 Gly Asn Met Val His Ala Ser Tyr Leu Leu Thr Ser Gly Asp Leu Arg  
 85 90 95  
 ttc ctt ttc act gct cct tac tct ccg tct ctc tcc gcc gga gag att 336  
 Phe Leu Phe Thr Ala Pro Tyr Ser Pro Ser Leu Ser Ala Gly Glu Ile  
 100 105 110  
 aaa ccg aca acc aca gct tct atc cca agt ttc gat cac gcc tct tgt 384  
 Lys Pro Thr Thr Thr Ala Ser Ile Pro Ser Phe Asp His Gly Ser Cys  
 115 120 125  
 cgt tcc ttc ttc tct tca cat ggt ctc ggt gtt aga gcc gtt gcg att 432  
 Arg Ser Phe Phe Ser Ser His Gly Leu Gly Val Arg Ala Val Ala Ile  
 130 135 140  
 gaa gta gaa gac gca gag tca gct ttc tcc atc agt gta gct aat ggc 480  
 Glu Val Glu Asp Ala Glu Ser Ala Phe Ser Ile Ser Val Ala Asn Gly  
 145 150 155 160

|   |      |
|---|------|
| gct att cct tcg tcg cct cct atc gtc ctc aat gaa gca gtt acg atc | 528  |
| Ala Ile Pro Ser Ser Pro Pro Ile Val Leu Asn Glu Ala Val Thr Ile |      |
| 165 170 175   |      |
| gct gag gtt aaa cta tac ggc gat gtt gtt ctc cga tat gtt agt tac | 576  |
| Ala Glu Val Lys Leu Tyr Gly Asp Val Val Leu Arg Tyr Val Ser Tyr |      |
| 180 185 190   |      |
| aaa gca gaa gat acc gaa aaa tcc gaa ttc ttg cca ggg ttc gag cgt | 624  |
| Lys Ala Glu Asp Thr Glu Lys Ser Glu Phe Leu Pro Gly Phe Glu Arg |      |
| 195 200 205   |      |
| gta gag gat gcg tcg tcg ttc cca ttg gat tat ggt atc cgg cgg ctt | 672  |
| Val Glu Asp Ala Ser Ser Phe Pro Leu Asp Tyr Gly Ile Arg Arg Leu |      |
| 210 215 220   |      |
| gac cac gcc gtg gga aac gtt cct gag ctt ggt ccg gct tta act tat | 720  |
| Asp His Ala Val Gly Asn Val Pro Glu Leu Gly Pro Ala Leu Thr Tyr |      |
| 225 230 235 240   |      |
| gta gcg ggg ttc act ggt ttt cac caa ttc gca gag ttc aca gca gac | 768  |
| Val Ala Gly Phe Thr Gly Phe His Gln Phe Ala Glu Phe Thr Ala Asp |      |
| 245 250 255   |      |
| gac gtt gga acc gcc gag agc ggt tta aat tca gcg gtc ctg gct agc | 816  |
| Asp Val Gly Thr Ala Glu Ser Gly Leu Asn Ser Ala Val Leu Ala Ser |      |
| 260 265 270   |      |
| aat gat gaa atg gtt ctt cta ccg att aac gag cca gtg cac gga aca | 864  |
| Asn Asp Glu Met Val Leu Leu Pro Ile Asn Glu Pro Val His Gly Thr |      |
| 275 280 285   |      |
| aag agg aag agt cag att cag acg tat ttg gaa cat aac gaa ggc gca | 912  |
| Lys Arg Lys Ser Gln Ile Gln Thr Tyr Leu Glu His Asn Glu Gly Ala |      |
| 290 295 300   |      |
| ggg cta caa cat ctg gct ctg atg agt gaa gac ata ttc agg acc ctg | 960  |
| Gly Leu Gln His Leu Ala Leu Met Ser Glu Asp Ile Phe Arg Thr Leu |      |
| 305 310 315 320   |      |
| aga gag atg agg aag agg agc agt att gga gga ttc gac ttc atg cct | 1008 |
| Arg Glu Met Arg Lys Arg Ser Ser Ile Gly Gly Phe Asp Phe Met Pro |      |
| 325 330 335   |      |
| tct cct ccg cct act tac tac cag aat ctc aag aaa cgg gtc ggc gac | 1056 |
| Ser Pro Pro Pro Thr Tyr Tyr Gln Asn Leu Lys Lys Arg Val Gly Asp |      |
| 340 345 350   |      |
| gtg ctc agc gat gat cag atc aag gag tgt gag gaa tta ggg att ctt | 1104 |
| Val Leu Ser Asp Asp Gln Ile Lys Glu Cys Glu Glu Leu Gly Ile Leu |      |

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 355   | 360 | 365 |      |
| gta gac aga gat gat caa ggg acg ttg ctt caa atc ttc aca aaa cca |     |     | 1152 |
| Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Thr Leu Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro |     |     |      |
| 370   | 375 | 380 |      |
| cta ggt gac agg ccg acg ata ttt ata gag ata atc cag aga gta gga |     |     | 1200 |
| Leu Gly Asp Arg Pro Thr Ile Phe Ile Glu Ile Ile Gln Arg Val Gly |     |     |      |
| 385   | 390 | 395 | 400  |
| tgc atg atg aaa gat gag gaa ggg aag gct tac cag agt gga gga tgt |     |     | 1248 |
| Cys Met Met Lys Asp Glu Glu Gly Lys Ala Tyr Gln Ser Gly Gly Cys |     |     |      |
| 405   | 410 | 415 |      |
| ggg ggt ttt ggc aaa ggc aat ttc tct gag ctc ttc aag tcc att gaa |     |     | 1296 |
| Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser Glu Leu Phe Lys Ser Ile Glu |     |     |      |
| 420   | 425 | 430 |      |
| gaa tac gaa aag act ctt gaa gcc aaa cag tta gtg gga tga         |     |     | 1338 |
| Glu Tyr Glu Lys Thr Leu Glu Ala Lys Gln Leu Val Gly             |     |     |      |
| 435   | 440 | 445 |      |

&lt;210&gt; 14

&lt;211&gt; 445.

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 14

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Gly | His | Gln | Asn | Ala | Ala | Val | Ser | Glu | Asn | Gln | Asn | His | Asp | Asp |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Gly | Ala | Ala | Ser | Ser | Pro | Gly | Phe | Lys | Leu | Val | Gly | Phe | Ser | Lys | Phe |
|     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Val | Arg | Lys | Asn | Pro | Lys | Ser | Asp | Lys | Phe | Lys | Val | Lys | Arg | Phe | His |
|     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| His | Ile | Glu | Phe | Trp | Cys | Gly | Asp | Ala | Thr | Asn | Val | Ala | Arg | Arg | Phe |
|     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ser | Trp | Gly | Leu | Gly | Met | Arg | Phe | Ser | Ala | Lys | Ser | Asp | Leu | Ser | Thr |
|     | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Gly | Asn | Met | Val | His | Ala | Ser | Tyr | Leu | Leu | Thr | Ser | Gly | Asp | Leu | Arg |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Phe | Leu | Phe | Thr | Ala | Pro | Tyr | Ser | Pro | Ser | Leu | Ser | Ala | Gly | Glu | Ile |
|     |     |     |     | 100 |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |

Lys Pro Thr Thr Thr Ala Ser Ile Pro Ser Phe Asp His Gly Ser Cys  
 115 120 125

Arg Ser Phe Phe Ser Ser His Gly Leu Gly Val Arg Ala Val Ala Ile  
 130 135 140

Glu Val Glu Asp Ala Glu Ser Ala Phe Ser Ile Ser Val Ala Asn Gly  
 145 150 155 160

Ala Ile Pro Ser Ser Pro Pro Ile Val Leu Asn Glu Ala Val Thr Ile  
 165 170 175

Ala Glu Val Lys Leu Tyr Gly Asp Val Val Leu Arg Tyr Val Ser Tyr  
 180 185 190

Lys Ala Glu Asp Thr Glu Lys Ser Glu Phe Leu Pro Gly Phe Glu Arg  
 195 200 205

Val Glu Asp Ala Ser Ser Phe Pro Leu Asp Tyr Gly Ile Arg Arg Leu  
 210 215 220

Asp His Ala Val Gly Asn Val Pro Glu Leu Gly Pro Ala Leu Thr Tyr  
 225 230 235 240

Val Ala Gly Phe Thr Gly Phe His Gln Phe Ala Glu Phe Thr Ala Asp  
 245 250 255

Asp Val Gly Thr Ala Glu Ser Gly Leu Asn Ser Ala Val Leu Ala Ser  
 260 265 270

Asn Asp Glu Met Val Leu Leu Pro Ile Asn Glu Pro Val His Gly Thr  
 275 280 285

Lys Arg Lys Ser Gln Ile Gln Thr Tyr Leu Glu His Asn Glu Gly Ala  
 290 295 300

Gly Leu Gln His Leu Ala Leu Met Ser Glu Asp Ile Phe Arg Thr Leu  
 305 310 315 320

Arg Glu Met Arg Lys Arg Ser Ser Ile Gly Gly Phe Asp Phe Met Pro  
 325 330 335

Ser Pro Pro Pro Thr Tyr Tyr Gln Asn Leu Lys Lys Arg Val Gly Asp  
 340 345 350

Val Leu Ser Asp Asp Gln Ile Lys Glu Cys Glu Glu Leu Gly Ile Leu  
 355 360 365

Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Thr Leu Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro  
 370 375 380

Leu Gly Asp Arg Pro Thr Ile Phe Ile Glu Ile Ile Gln Arg Val Gly  
385 390 395 400

Cys Met Met Lys Asp Glu Glu Gly Lys Ala Tyr Gln Ser Gly Gly Cys  
405 410 415

Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser Glu Leu Phe Lys Ser Ile Glu  
420 425 430

Glu Tyr Glu Lys Thr Leu Glu Ala Lys Gln Leu Val Gly  
435 440 445

<210> 15

<211> 1182

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1182)

<400> 15

atg gag tct ctg ctc tct agt tct tct ctt gtt tcc gct gct ggt ggg 48  
Met Glu Ser Leu Leu Ser Ser Ser Ser Leu Val Ser Ala Ala Gly Gly  
1 5 10 15

ttt tgt tgg aag aag cag aat cta aag ctc cac tct tta tca gaa atc 96  
Phe Cys Trp Lys Lys Gln Asn Leu Lys Leu His Ser Leu Ser Glu Ile  
20 25 30

cga gtt ctg cgt tgt gat tcg agt aaa gtt gtc gca aaa ccg aag ttt 144  
Arg Val Leu Arg Cys Asp Ser Ser Lys Val Val Ala Lys Pro Lys Phe  
35 40 45

agg aac aat ctt gtt agg cct gat ggt caa gga tct tca ttg ttg ttg 192  
Arg Asn Asn Leu Val Arg Pro Asp Gly Gln Gly Ser Ser Leu Leu Leu  
50 55 60

tat cca aaa cat aag tcg aga ttt cgg gtt aat gcc act gcg ggt cag 240  
Tyr Pro Lys His Lys Ser Arg Phe Arg Val Asn Ala Thr Ala Gly Gln  
65 70 75 80

ccc gag gct ttc gac tcg aat agc aaa cag aag tct ttt aga gac tcg 288  
Pro Glu Ala Phe Asp Ser Asn Ser Lys Gln Lys Ser Phe Arg Asp Ser  
85 90 95

tta gat gcg ttt tac agg ttt tct agg cct cat aca gtt att ggc aca 336  
Leu Asp Ala Phe Tyr Arg Phe Ser Arg Pro His Thr Val Ile Gly Thr

| 100   | 105 | 110 |     |
|---|-----|-----|-----|
| gtg ctt agc att tta tct gta tct ttc tta gca gta gag aag gtt tct |     |     | 384 |
| Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Ser Phe Leu Ala Val Glu Lys Val Ser |     |     |     |
| 115   | 120 | 125 |     |
| gat ata tct cct tta ctt ttc act ggc atc ttg gag gct gtt gtt gca |     |     | 432 |
| Asp Ile Ser Pro Leu Leu Phe Thr Gly Ile Leu Glu Ala Val Val Ala |     |     |     |
| 130   | 135 | 140 |     |
| gct ctc atg atg aac att tac ata gtt ggg cta aat cag ttg tct gat |     |     | 480 |
| Ala Leu Met Met Asn Ile Tyr Ile Val Gly Leu Asn Gln Leu Ser Asp |     |     |     |
| 145   | 150 | 155 | 160 |
| gtt gaa ata gat aag gtt aac aag ccc tat ctt cca ttg gca tca gga |     |     | 528 |
| Val Glu Ile Asp Lys Val Asn Lys Pro Tyr Leu Pro Leu Ala Ser Gly |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 |     |
| gaa tat tct gtt aac acc ggc att gca ata gta gct tcc ttc tcc atc |     |     | 576 |
| Glu Tyr Ser Val Asn Thr Gly Ile Ala Ile Val Ala Ser Phe Ser Ile |     |     |     |
| 180   | 185 | 190 |     |
| atg agt ttc tgg ctt ggg tgg att gtt ggt tca tgg cca ttg ttc tgg |     |     | 624 |
| Met Ser Phe Trp Leu Gly Trp Ile Val Gly Ser Trp Pro Leu Phe Trp |     |     |     |
| 195   | 200 | 205 |     |
| gct ctt ttt gtg agt ttc atg ctc ggt act gca tac tct atc aat ttg |     |     | 672 |
| Ala Leu Phe Val Ser Phe Met Leu Gly Thr Ala Tyr Ser Ile Asn Leu |     |     |     |
| 210   | 215 | 220 |     |
| cca ctt tta cgg tgg aaa aga ttt gca ttg gtt gca gca atg tgt atc |     |     | 720 |
| Pro Leu Leu Arg Trp Lys Arg Phe Ala Leu Val Ala Ala Met Cys Ile |     |     |     |
| 225   | 230 | 235 | 240 |
| ctc gct gtc cga gct att att gtt caa atc gcc ttt tat cta cat att |     |     | 768 |
| Leu Ala Val Arg Ala Ile Ile Val Gln Ile Ala Phe Tyr Leu His Ile |     |     |     |
| 245   | 250 | 255 |     |
| cag aca cat gtg ttt gga aga cca atc ttg ttc act agg cct ctt att |     |     | 816 |
| Gln Thr His Val Phe Gly Arg Pro Ile Leu Phe Thr Arg Pro Leu Ile |     |     |     |
| 260   | 265 | 270 |     |
| ttc gcc act gcg ttt atg agc ttt ttc tct gtc gtt att gca ttg ttt |     |     | 864 |
| Phe Ala Thr Ala Phe Met Ser Phe Phe Ser Val Val Ile Ala Leu Phe |     |     |     |
| 275   | 280 | 285 |     |
| aag gat ata cct gat atc gaa ggg gat aag ata ttc gga atc cga tca |     |     | 912 |
| Lys Asp Ile Pro Asp Ile Glu Gly Asp Lys Ile Phe Gly Ile Arg Ser |     |     |     |
| 290   | 295 | 300 |     |

ttc tct gta act ctg ggt cag aaa cgg gtg ttt tgg aca tgt gtt aca 960  
 Phe Ser Val Thr Leu Gly Gln Lys Arg Val Phe Trp Thr Cys Val Thr  
 305 310 315 320  
  
 cta ctt caa atg gct tac gct gtt gca att cta gtt gga gcc aca tct 1008  
 Leu Leu Gln Met Ala Tyr Ala Val Ala Ile Leu Val Gly Ala Thr Ser  
 325 330 335  
  
 cca ttc ata tgg agc aaa gtc atc tcg gtt gtg ggt cat gtt ata ctc 1056  
 Pro Phe Ile Trp Ser Lys Val Ile Ser Val Val Gly His Val Ile Leu  
 340 345 350  
  
 gca aca act ttg tgg gct cga gct aag tcc gtt gat ctg agt agc aaa 1104  
 Ala Thr Thr Leu Trp Ala Arg Ala Lys Ser Val Asp Leu Ser Ser Lys  
 355 360 365  
  
 acc gaa ata act tca tgt tat atg ttc ata tgg aag ctc ttt tat gca 1152  
 Thr Glu Ile Thr Ser Cys Tyr Met Phe Ile Trp Lys Leu Phe Tyr Ala  
 370 375 380  
  
 gag tac ttg ctg tta cct ttt ttg aag tga 1182  
 Glu Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Leu Lys  
 385 390

&lt;210&gt; 16

&lt;211&gt; 393

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 16

Met Glu Ser Leu Leu Ser Ser Ser Ser Leu Val Ser Ala Ala Gly Gly  
 1 5 10 15

Phe Cys Trp Lys Lys Gln Asn Leu Lys Leu His Ser Leu Ser Glu Ile  
 20 25 30

Arg Val Leu Arg Cys Asp Ser Ser Lys Val Val Ala Lys Pro Lys Phe  
 35 40 45

Arg Asn Asn Leu Val Arg Pro Asp Gly Gln Gly Ser Ser Leu Leu Leu  
 50 55 60

Tyr Pro Lys His Lys Ser Arg Phe Arg Val Asn Ala Thr Ala Gly Gln  
 65 70 75 80

Pro Glu Ala Phe Asp Ser Asn Ser Lys Gln Lys Ser Phe Arg Asp Ser  
 85 90 95

Leu Asp Ala Phe Tyr Arg Phe Ser Arg Pro His Thr Val Ile Gly Thr

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |  |  |
| Val | Leu | Ser | Ile | Leu | Ser | Val | Ser | Phe | Leu | Ala | Val | Glu | Lys | Val | Ser |  |  |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |  |  |
| Asp | Ile | Ser | Pro | Leu | Leu | Phe | Thr | Gly | Ile | Leu | Glu | Ala | Val | Val | Ala |  |  |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |  |  |
| Ala | Leu | Met | Met | Asn | Ile | Tyr | Ile | Val | Gly | Leu | Asn | Gln | Leu | Ser | Asp |  |  |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |  |  |
| Val | Glu | Ile | Asp | Lys | Val | Asn | Lys | Pro | Tyr | Leu | Pro | Leu | Ala | Ser | Gly |  |  |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |  |  |
| Glu | Tyr | Ser | Val | Asn | Thr | Gly | Ile | Ala | Ile | Val | Ala | Ser | Phe | Ser | Ile |  |  |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |  |  |
| Met | Ser | Phe | Trp | Leu | Gly | Trp | Ile | Val | Gly | Ser | Trp | Pro | Leu | Phe | Trp |  |  |
|     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |  |  |
| Ala | Leu | Phe | Val | Ser | Phe | Met | Leu | Gly | Thr | Ala | Tyr | Ser | Ile | Asn | Leu |  |  |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |  |
| Pro | Leu | Leu | Arg | Trp | Lys | Arg | Phe | Ala | Leu | Val | Ala | Ala | Met | Cys | Ile |  |  |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |  |  |
| Leu | Ala | Val | Arg | Ala | Ile | Ile | Val | Gln | Ile | Ala | Phe | Tyr | Leu | His | Ile |  |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |  |  |
| Gln | Thr | His | Val | Phe | Gly | Arg | Pro | Ile | Leu | Phe | Thr | Arg | Pro | Leu | Ile |  |  |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |  |  |
| Phe | Ala | Thr | Ala | Phe | Met | Ser | Phe | Phe | Ser | Val | Val | Ile | Ala | Leu | Phe |  |  |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |  |  |
| Lys | Asp | Ile | Pro | Asp | Ile | Glu | Gly | Asp | Lys | Ile | Phe | Gly | Ile | Arg | Ser |  |  |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |  |  |
| Phe | Ser | Val | Thr | Leu | Gly | Gln | Lys | Arg | Val | Phe | Trp | Thr | Cys | Val | Thr |  |  |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |  |  |
| Leu | Leu | Gln | Met | Ala | Tyr | Ala | Val | Ala | Ile | Leu | Val | Gly | Ala | Thr | Ser |  |  |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |  |  |
| Pro | Phe | Ile | Trp | Ser | Lys | Val | Ile | Ser | Val | Val | Gly | His | Val | Ile | Leu |  |  |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |  |  |
| Ala | Thr | Thr | Leu | Trp | Ala | Arg | Ala | Lys | Ser | Val | Asp | Leu | Ser | Ser | Lys |  |  |
|     |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |  |  |

Thr Glu Ile Thr Ser Cys Tyr Met Phe Ile Trp Lys Leu Phe Tyr Ala  
 370 375 380

Glu Tyr Leu Leu Leu Pro Phe Leu Lys  
 385 390

<210> 17

<211> 1509

<212> DNA

<213> Nicotiana tabacum

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1395)

<400> 17

|   |     |
|---|-----|
| atg gct tcc att gct ctc aaa act ttc acc ggc ctc cgt caa tcc tcg | 48  |
| Met Ala Ser Ile Ala Leu Lys Thr Phe Thr Gly Leu Arg Gln Ser Ser |     |
| 1 5 10 15   |     |
| ccg gaa aac aat tcc att act ctt tct aaa tcc ctc ccc ttc acc caa | 96  |
| Pro Glu Asn Asn Ser Ile Thr Leu Ser Lys Ser Leu Pro Phe Thr Gln |     |
| 20 25 30  |     |
| acc cac cgt agg ctc cga atc aat gct tcc aaa tcc agc cca aga gtc | 144 |
| Thr His Arg Arg Leu Arg Ile Asn Ala Ser Lys Ser Ser Pro Arg Val |     |
| 35 40 45  |     |
| aac ggc cgc aat ctt cgt gtt gcg gtg gtg ggc ggt ggt cct gct ggt | 192 |
| Asn Gly Arg Asn Leu Arg Val Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly |     |
| 50 55 60  |     |
| ggc gcc gcc gct gaa aca ctc gcc aag gga gga att gaa acc ttc tta | 240 |
| Gly Ala Ala Ala Glu Thr Leu Ala Lys Gly Gly Ile Glu Thr Phe Leu |     |
| 65 70 75 80   |     |
| atc gaa cgc aaa atg gac aac tgc aaa ccc tgc ggt ggg gcc atc cca | 288 |
| Ile Glu Arg Lys Met Asp Asn Cys Lys Pro Cys Gly Gly Ala Ile Pro |     |
| 85 90 95  |     |
| ctt tgc atg gtg gga gaa ttt gac ctc cct ttg gat atc att gac cgg | 336 |
| Leu Cys Met Val Gly Glu Phe Asp Leu Pro Leu Asp Ile Ile Asp Arg |     |
| 100 105 110   |     |
| aaa gtt aca aag atg aag atg att tcc cca tcc aac gtt gct gtt gat | 384 |
| Lys Val Thr Lys Met Lys Met Ile Ser Pro Ser Asn Val Ala Val Asp |     |
| 115 120 125   |     |
| att ggt cag act tta aag cct cac gag tac atc ggt atg gtg cgc cgc | 432 |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Ile | Gly | Gln | Thr | Leu | Lys | Pro | His | Glu | Tyr | Ile | Gly | Met | Val | Arg | Arg |      |
| 130 |     |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |      |
| gaa | gta | ctc | gat | gct | tac | ctc | cgt | gac | cgc | gct | gct | gaa | gcc | gga | gcc | 480  |
| Glu | Val | Leu | Asp | Ala | Tyr | Leu | Arg | Asp | Arg | Ala | Ala | Glu | Ala | Gly | Ala |      |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |      |
| tct | gtt | ctc | aac | ggc | ttg | ttc | ctc | aaa | atg | gac | atg | ccc | aaa | gct | ccc | 528  |
| Ser | Val | Leu | Asn | Gly | Leu | Phe | Leu | Lys | Met | Asp | Met | Pro | Lys | Ala | Pro |      |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |      |
| aac | gca | cct | tac | gtc | ctt | cac | tac | aca | gct | tac | gac | tcc | aaa | act | aat | 576  |
| Asn | Ala | Pro | Tyr | Val | Leu | His | Tyr | Thr | Ala | Tyr | Asp | Ser | Lys | Thr | Asn |      |
|     |     |     |     | 180 |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |      |
| ggc | gcg | ggg | gag | aag | cgt | acc | ctg | gaa | gtt | gac | gcc | gtt | atc | ggc | gct | 624  |
| Gly | Ala | Gly | Glu | Lys | Arg | Thr | Leu | Glu | Val | Asp | Ala | Val | Ile | Gly | Ala |      |
|     | 195 |     |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |      |
| gac | ggt | gca | aat | tcc | cgt | gtc | gca | aaa | tcc | ata | aac | gcc | ggt | gac | tac | 672  |
| Asp | Gly | Ala | Asn | Ser | Arg | Val | Ala | Lys | Ser | Ile | Asn | Ala | Gly | Asp | Tyr |      |
|     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |      |
| gag | tac | gct | att | gca | ttc | caa | gaa | agg | att | aaa | att | tcc | gat | gat | aaa | 720  |
| Glu | Tyr | Ala | Ile | Ala | Phe | Gln | Glu | Arg | Ile | Lys | Ile | Ser | Asp | Asp | Lys |      |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |      |
| atg | aag | tat | tac | gag | aat | tta | gct | gaa | atg | tac | gtg | ggt | gat | gac | gtg | 768  |
| Met | Lys | Tyr | Tyr | Glu | Asn | Leu | Ala | Glu | Met | Tyr | Val | Gly | Asp | Asp | Val |      |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |
| tcc | cct | gat | ttt | tac | ggg | tgg | gtt | ttc | ccc | aaa | tgt | gac | cac | gtt | gcc | 816  |
| Ser | Pro | Asp | Phe | Tyr | Gly | Trp | Val | Phe | Pro | Lys | Cys | Asp | His | Val | Ala |      |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |
| gtt | ggc | act | ggc | aca | gtc | acc | cac | aaa | gct | gac | atc | aaa | aaa | ttc | cag | 864  |
| Val | Gly | Thr | Gly | Thr | Val | Thr | His | Lys | Ala | Asp | Ile | Lys | Lys | Phe | Gln |      |
|     | 275 |     |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |
| cta | gct | aca | aga | ttg | aga | gct | gat | tcc | aaa | atc | acc | ggc | gga | aaa | att | 912  |
| Leu | Ala | Thr | Arg | Leu | Arg | Ala | Asp | Ser | Lys | Ile | Thr | Gly | Gly | Lys | Ile |      |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |
| atc | cgg | gtc | gag | gcc | cac | ccg | att | cca | gaa | cac | cca | aga | ccc | aga | aga | 960  |
| Ile | Arg | Val | Glu | Ala | His | Pro | Ile | Pro | Glu | His | Pro | Arg | Pro | Arg | Arg |      |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |      |
| tta | caa | gac | aga | gtt | gca | ttg | gtt | ggt | gat | gcg | gca | ggg | tac | gtg | acc | 1008 |
| Leu | Gln | Asp | Arg | Val | Ala | Leu | Val | Gly | Asp | Ala | Ala | Gly | Tyr | Val | Thr |      |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |      |

aaa tgt tcg ggc gaa ggg att tac ttc gcg gca aag agt gga cgt atg 1056  
 Lys Cys Ser Gly Glu Gly Ile Tyr Phe Ala Ala Lys Ser Gly Arg Met  
 340 345 350

tgt gct gaa gca att gtt gaa ggg tca gaa atg gga aaa aga atg gtg 1104  
 Cys Ala Glu Ala Ile Val Glu Gly Ser Glu Met Gly Lys Arg Met Val  
 355 360 365

gac gag agt gat ttg agg aag tat ttg gag aaa tgg gac aag act tat 1152  
 Asp Glu Ser Asp Leu Arg Lys Tyr Leu Glu Lys Trp Asp Lys Thr Tyr  
 370 375 380

tgg cca acg tac aag gtg ctt gat ata ttg cag aag gta ttt tac agg 1200  
 Trp Pro Thr Tyr Lys Val Leu Asp Ile Leu Gln Lys Val Phe Tyr Arg  
 385 390 395 400

tcg aat ccg gcg agg gaa gca ttt gtt gaa atg tgc gca gat gag tat 1248  
 Ser Asn Pro Ala Arg Glu Ala Phe Val Glu Met Cys Ala Asp Glu Tyr  
 405 410 415

gtg cag aag atg aca ttt gac agc tat ttg tac aag aaa gta gca cca 1296  
 Val Gln Lys Met Thr Phe Asp Ser Tyr Leu Tyr Lys Lys Val Ala Pro  
 420 425 430

gga aac cca att gaa gac ttg aag ctt gct gtg aat acc att gga agt 1344  
 Gly Asn Pro Ile Glu Asp Leu Lys Leu Ala Val Asn Thr Ile Gly Ser  
 435 440 445

ttg gtg aga gct aat gca cta aga agg gaa atg gac aag ctc agt gta 1392  
 Leu Val Arg Ala Asn Ala Leu Arg Arg Glu Met Asp Lys Leu Ser Val  
 450 455 460

taa gaagattaac agcattaata ttttcttgta attgaaggat ttatttctca 1445

465

aattactctg taaacacctt tcatacctgcc tttaatcgga tttatgtaac ttcataattt 1505

gagc 1509

<210> 18

<211> 464

<212> PRT

<213> Nicotiana tabacum

<400> 18

Met Ala Ser Ile Ala Leu Lys Thr Phe Thr Gly Leu Arg Gln Ser Ser

1

5

10

15

Pro Glu Asn Asn Ser Ile Thr Leu Ser Lys Ser Leu Pro Phe Thr Gln  
 20 25 30  
 Thr His Arg Arg Leu Arg Ile Asn Ala Ser Lys Ser Ser Pro Arg Val  
 35 40 45  
 Asn Gly Arg Asn Leu Arg Val Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly  
 50 55 60  
 Gly Ala Ala Ala Glu Thr Leu Ala Lys Gly Gly Ile Glu Thr Phe Leu  
 65 70 75 80  
 Ile Glu Arg Lys Met Asp Asn Cys Lys Pro Cys Gly Gly Ala Ile Pro  
 85 90 95  
 Leu Cys Met Val Gly Glu Phe Asp Leu Pro Leu Asp Ile Ile Asp Arg  
 100 105 110  
 Lys Val Thr Lys Met Lys Met Ile Ser Pro Ser Asn Val Ala Val Asp  
 115 120 125  
 Ile Gly Gln Thr Leu Lys Pro His Glu Tyr Ile Gly Met Val Arg Arg  
 130 135 140  
 Glu Val Leu Asp Ala Tyr Leu Arg Asp Arg Ala Ala Glu Ala Gly Ala  
 145 150 155 160  
 Ser Val Leu Asn Gly Leu Phe Leu Lys Met Asp Met Pro Lys Ala Pro  
 165 170 175  
 Asn Ala Pro Tyr Val Leu His Tyr Thr Ala Tyr Asp Ser Lys Thr Asn  
 180 185 190  
 Gly Ala Gly Glu Lys Arg Thr Leu Glu Val Asp Ala Val Ile Gly Ala  
 195 200 205  
 Asp Gly Ala Asn Ser Arg Val Ala Lys Ser Ile Asn Ala Gly Asp Tyr  
 210 215 220  
 Glu Tyr Ala Ile Ala Phe Gln Glu Arg Ile Lys Ile Ser Asp Asp Lys  
 225 230 235 240  
 Met Lys Tyr Tyr Glu Asn Leu Ala Glu Met Tyr Val Gly Asp Asp Val  
 245 250 255  
 Ser Pro Asp Phe Tyr Gly Trp Val Phe Pro Lys Cys Asp His Val Ala  
 260 265 270  
 Val Gly Thr Gly Thr Val Thr His Lys Ala Asp Ile Lys Lys Phe Gln

| 275  | 280 | 285     |
|--|-----|---------|
| Leu Ala Thr Arg Leu Arg Ala Asp Ser Lys Ile Thr Gly Gly Lys Ile<br>290 | 295 | 300     |
| Ile Arg Val Glu Ala His Pro Ile Pro Glu His Pro Arg Pro Arg Arg<br>305 | 310 | 315 320 |
| Leu Gln Asp Arg Val Ala Leu Val Gly Asp Ala Ala Gly Tyr Val Thr<br>325 | 330 | 335     |
| Lys Cys Ser Gly Glu Gly Ile Tyr Phe Ala Ala Lys Ser Gly Arg Met<br>340 | 345 | 350     |
| Cys Ala Glu Ala Ile Val Glu Gly Ser Glu Met Gly Lys Arg Met Val<br>355 | 360 | 365     |
| Asp Glu Ser Asp Leu Arg Lys Tyr Leu Glu Lys Trp Asp Lys Thr Tyr<br>370 | 375 | 380     |
| Trp Pro Thr Tyr Lys Val Leu Asp Ile Leu Gln Lys Val Phe Tyr Arg<br>385 | 390 | 395 400 |
| Ser Asn Pro Ala Arg Glu Ala Phe Val Glu Met Cys Ala Asp Glu Tyr<br>405 | 410 | 415     |
| Val Gln Lys Met Thr Phe Asp Ser Tyr Leu Tyr Lys Lys Val Ala Pro<br>420 | 425 | 430     |
| Gly Asn Pro Ile Glu Asp Leu Lys Leu Ala Val Asn Thr Ile Gly Ser<br>435 | 440 | 445     |
| Leu Val Arg Ala Asn Ala Leu Arg Arg Glu Met Asp Lys Leu Ser Val<br>450 | 455 | 460     |

&lt;210&gt; 19

&lt;211&gt; 957

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Synechocystis PCC6803

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(957)

&lt;400&gt; 19

|   |    |
|---|----|
| atg ccc gag tat ttg ctt ctg ccc gct ggc cta att tcc ctc tcc ctg | 48 |
| Met Pro Glu Tyr Leu Leu Leu Pro Ala Gly Leu Ile Ser Leu Ser Leu |    |

1

5

10

15

|   |     |
|---|-----|
| gcg atc gcc gct gga ctg tat ctc cta act gcc cgg ggc tat cag tca | 96  |
| Ala Ile Ala Ala Gly Leu Tyr Leu Leu Thr Ala Arg Gly Tyr Gln Ser |     |
| 20 25 30  |     |
| tcg gat tcc gtg gcc aac gcc tac gac caa tgg aca gag gac ggc att | 144 |
| Ser Asp Ser Val Ala Asn Ala Tyr Asp Gln Trp Thr Glu Asp Gly Ile |     |
| 35 40 45  |     |
| ttg gaa tat tac tgg ggc gac cat atc cac ctc ggc cat tat ggc gat | 192 |
| Leu Glu Tyr Tyr Trp Gly Asp His Ile His Leu Gly His Tyr Gly Asp |     |
| 50 55 60  |     |
| ccg cca gtg gcc aag gat ttc atc caa tcg aaa att gat ttt gtc cat | 240 |
| Pro Pro Val Ala Lys Asp Phe Ile Gln Ser Lys Ile Asp Phe Val His |     |
| 65 70 75 80   |     |
| gcc atg gcc cag tgg ggc gga tta gat aca ctt ccc ccc ggc aca acg | 288 |
| Ala Met Ala Gln Trp Gly Gly Leu Asp Thr Leu Pro Pro Gly Thr Thr |     |
| 85 90 95  |     |
| gta ttg gat gtg ggt tgc ggc att ggc ggt agc agt cgc att ctc gcc | 336 |
| Val Leu Asp Val Gly Cys Gly Ile Gly Gly Ser Ser Arg Ile Leu Ala |     |
| 100 105 110   |     |
| aaa gat tat ggt ttt aac gtt acc ggc atc acc att agt ccc caa cag | 384 |
| Lys Asp Tyr Gly Phe Asn Val Thr Gly Ile Thr Ile Ser Pro Gln Gln |     |
| 115 120 125   |     |
| gtg aaa cgg gcg acg gaa tta act cct ccc gat gtg acg gcc aag ttt | 432 |
| Val Lys Arg Ala Thr Glu Leu Thr Pro Pro Asp Val Thr Ala Lys Phe |     |
| 130 135 140   |     |
| gcg gtg gac gat gct atg gct ttg tct ttt cct gac ggt agt ttc gac | 480 |
| Ala Val Asp Asp Ala Met Ala Leu Ser Phe Pro Asp Gly Ser Phe Asp |     |
| 145 150 155 160   |     |
| gta gtt tgg tcg gtg gaa gca ggg ccc cac atg cct gac aaa gct gtg | 528 |
| Val Val Trp Ser Val Glu Ala Gly Pro His Met Pro Asp Lys Ala Val |     |
| 165 170 175   |     |
| ttt gcc aag gaa tta ctg cgg gtc gtg aaa cca ggg ggc att ctg gtg | 576 |
| Phe Ala Lys Glu Leu Leu Arg Val Val Lys Pro Gly Gly Ile Leu Val |     |
| 180 185 190   |     |
| gtg gcg gat tgg aat caa cgg gac gat cgc caa gtg ccc ctc aac ttc | 624 |
| Val Ala Asp Trp Asn Gln Arg Asp Asp Arg Gln Val Pro Leu Asn Phe |     |
| 195 200 205   |     |
| tgg gaa aaa cca gtg atg cga caa ctg ttg gat caa tgg tcc cac cct | 672 |
| Trp Glu Lys Pro Val Met Arg Gln Leu Leu Asp Gln Trp Ser His Pro |     |

| 210   | 215 | 220 |     |
|---|-----|-----|-----|
| gcc ttt gcc agc att gaa ggt ttt gcg gaa aat ttg gaa gcc acg ggt |     |     | 720 |
| Ala Phe Ala Ser Ile Glu Gly Phe Ala Glu Asn Leu Glu Ala Thr Gly |     |     |     |
| 225   | 230 | 235 | 240 |
| ttg gtg gag ggc cag gtg act act gct gat tgg act gta ccg acc ctc |     |     | 768 |
| Leu Val Glu Gly Gln Val Thr Thr Ala Asp Trp Thr Val Pro Thr Leu |     |     |     |
| 245   | 250 |     | 255 |
| ccc gct tgg ttg gat acc att tgg cag ggc att atc cgg ccc cag ggc |     |     | 816 |
| Pro Ala Trp Leu Asp Thr Ile Trp Gln Gly Ile Ile Arg Pro Gln Gly |     |     |     |
| 260   | 265 |     | 270 |
| tgg tta caa tac ggc att cgt ggg ttt atc aaa tcc gtg cgg gaa gta |     |     | 864 |
| Trp Leu Gln Tyr Gly Ile Arg Gly Phe Ile Lys Ser Val Arg Glu Val |     |     |     |
| 275   | 280 |     | 285 |
| ccg act att tta ttg atg cgc ctt gcc ttt ggg gta gga ctt tgt cgc |     |     | 912 |
| Pro Thr Ile Leu Leu Met Arg Leu Ala Phe Gly Val Gly Leu Cys Arg |     |     |     |
| 290   | 295 | 300 |     |
| ttc ggt atg ttc aaa gca gtg cga aaa aac gcc act caa gct taa     |     |     | 957 |
| Phe Gly Met Phe Lys Ala Val Arg Lys Asn Ala Thr Gln Ala         |     |     |     |
| 305   | 310 | 315 |     |

&lt;210&gt; 20

&lt;211&gt; 318

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Synechocystis PCC6803

&lt;400&gt; 20

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Pro | Glu | Tyr | Leu | Leu | Leu | Pro | Ala | Gly | Leu | Ile | Ser | Leu | Ser | Leu |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ala | Ile | Ala | Ala | Gly | Leu | Tyr | Leu | Leu | Thr | Ala | Arg | Gly | Tyr | Gln | Ser |
|     |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ser | Asp | Ser | Val | Ala | Asn | Ala | Tyr | Asp | Gln | Trp | Thr | Glu | Asp | Gly | Ile |
|     |     | 35  |     |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Leu | Glu | Tyr | Tyr | Trp | Gly | Asp | His | Ile | His | Leu | Gly | His | Tyr | Gly | Asp |
|     |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Pro | Pro | Val | Ala | Lys | Asp | Phe | Ile | Gln | Ser | Lys | Ile | Asp | Phe | Val | His |
|     |     | 65  |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ala | Met | Ala | Gln | Trp | Gly | Gly | Leu | Asp | Thr | Leu | Pro | Pro | Gly | Thr | Thr |
|     |     |     |     |     | 85  |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |

Val Leu Asp Val Gly Cys Gly Ile Gly Gly Ser Ser Arg Ile Leu Ala  
 100 105 110  
 Lys Asp Tyr Gly Phe Asn Val Thr Gly Ile Thr Ile Ser Pro Gln Gln  
 115 120 125  
 Val Lys Arg Ala Thr Glu Leu Thr Pro Pro Asp Val Thr Ala Lys Phe  
 130 135 140  
 Ala Val Asp Asp Ala Met Ala Leu Ser Phe Pro Asp Gly Ser Phe Asp  
 145 150 155 160  
 Val Val Trp Ser Val Glu Ala Gly Pro His Met Pro Asp Lys Ala Val  
 165 170 175  
 Phe Ala Lys Glu Leu Leu Arg Val Val Lys Pro Gly Gly Ile Leu Val  
 180 185 190  
 Val Ala Asp Trp Asn Gln Arg Asp Asp Arg Gln Val Pro Leu Asn Phe  
 195 200 205  
 Trp Glu Lys Pro Val Met Arg Gln Leu Leu Asp Gln Trp Ser His Pro  
 210 215 220  
 Ala Phe Ala Ser Ile Glu Gly Phe Ala Glu Asn Leu Glu Ala Thr Gly  
 225 230 235 240  
 Leu Val Glu Gly Gln Val Thr Thr Ala Asp Trp Thr Val Pro Thr Leu  
 245 250 255  
 Pro Ala Trp Leu Asp Thr Ile Trp Gln Gly Ile Ile Arg Pro Gln Gly  
 260 265 270  
 Trp Leu Gln Tyr Gly Ile Arg Gly Phe Ile Lys Ser Val Arg Glu Val  
 275 280 285  
 Pro Thr Ile Leu Leu Met Arg Leu Ala Phe Gly Val Gly Leu Cys Arg  
 290 295 300  
 Phe Gly Met Phe Lys Ala Val Arg Lys Asn Ala Thr Gln Ala  
 305 310 315

&lt;210&gt; 21

&lt;211&gt; 1100

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Synechocystis PCC6803

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1092)

&lt;400&gt; 21

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| atg | aaa | ttt | ccg | ccc | cac | agt | ggg | tac | cat | tgg | caa | ggg | caa | tca | cct | 48  |
| Met | Lys | Phe | Pro | Pro | His | Ser | Gly | Tyr | His | Trp | Gln | Gly | Gln | Ser | Pro |     |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| ttc | ttt | gaa | ggg | tgg | tac | gtg | cgc | ctg | ctt | ttg | ccc | caa | tcc | ggg | gaa | 96  |
| Phe | Phe | Glu | Gly | Trp | Tyr | Val | Arg | Leu | Leu | Leu | Pro | Gln | Ser | Gly | Glu |     |
|     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| agt | ttt | gct | ttt | atg | tac | tcc | atc | gaa | aat | cct | gct | agc | gat | cat | cat | 144 |
| Ser | Phe | Ala | Phe | Met | Tyr | Ser | Ile | Glu | Asn | Pro | Ala | Ser | Asp | His | His |     |
|     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| tac | ggc | ggc | ggg | gct | gtg | caa | att | tta | ggg | ccg | gct | acg | aaa | aaa | caa | 192 |
| Tyr | Gly | Gly | Gly | Ala | Val | Gln | Ile | Leu | Gly | Pro | Ala | Thr | Lys | Lys | Gln |     |
|     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| gaa | aat | cag | gaa | gac | caa | ctt | gtt | tgg | cgg | aca | ttt | ccc | tgc | gta | aaa | 240 |
| Glu | Asn | Gln | Glu | Asp | Gln | Leu | Val | Trp | Arg | Thr | Phe | Pro | Ser | Val | Lys |     |
|     | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| aaa | ttt | tgg | gcc | agt | cct | cgc | cag | ttt | gcc | cta | ggg | cat | tgg | gga | aaa | 288 |
| Lys | Phe | Trp | Ala | Ser | Pro | Arg | Gln | Phe | Ala | Leu | Gly | His | Trp | Gly | Lys |     |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| tgt | agg | gat | aac | agg | cag | gcg | aaa | ccc | cta | ctc | tcc | gaa | gaa | ttt | ttt | 336 |
| Cys | Arg | Asp | Asn | Arg | Gln | Ala | Lys | Pro | Leu | Leu | Ser | Glu | Glu | Phe | Phe |     |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| gcc | acg | gtc | aag | gaa | ggg | tat | caa | atc | cat | caa | aat | cag | cac | caa | gga | 384 |
| Ala | Thr | Val | Lys | Glu | Gly | Tyr | Gln | Ile | His | Gln | Asn | Gln | His | Gln | Gly |     |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| caa | atc | att | cat | ggc | gat | cgc | cat | tgt | cgt | tgg | cag | ttc | acc | gta | gaa | 432 |
| Gln | Ile | Ile | His | Gly | Asp | Arg | His | Cys | Arg | Trp | Gln | Phe | Thr | Val | Glu |     |
|     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| ccg | gaa | gta | act | tgg | ggg | agt | cct | aac | cga | ttt | cct | cgg | gct | aca | gcg | 480 |
| Pro | Glu | Val | Thr | Trp | Gly | Ser | Pro | Asn | Arg | Phe | Pro | Arg | Ala | Thr | Ala |     |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| ggg | tgg | ctt | tcc | ttt | tta | ccc | ttg | ttt | gat | ccc | ggg | tgg | caa | att | ctt | 528 |
| Gly | Trp | Leu | Ser | Phe | Leu | Pro | Leu | Phe | Asp | Pro | Gly | Trp | Gln | Ile | Leu |     |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |     |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| tta | gcc | caa | ggg | aga | gcg | cac | ggc | tgg | ctg | aaa | tgg | cag | agg | gaa | cag | 576 |
| Leu | Ala | Gln | Gly | Arg | Ala | His | Gly | Trp | Leu | Lys | Trp | Gln | Arg | Glu | Gln |     |

| 180   | 185 | 190 |      |
|---|-----|-----|------|
| tat gaa ttt gac cac gcc cta gtt tat gcc gaa aaa aat tgg ggt cac |     |     | 624  |
| Tyr Glu Phe Asp His Ala Leu Val Tyr Ala Glu Lys Asn Trp Gly His |     |     |      |
| 195   | 200 | 205 |      |
| tcc ttt ccc tcc cgc tgg ttt tgg ctc caa gca aat tat ttt cct gac |     |     | 672  |
| Ser Phe Pro Ser Arg Trp Phe Trp Leu Gln Ala Asn Tyr Phe Pro Asp |     |     |      |
| 210   | 215 | 220 |      |
| cat cca gga ctg agc gtc act gcc gct ggc ggg gaa cgg att gtt ctt |     |     | 720  |
| His Pro Gly Leu Ser Val Thr Ala Ala Gly Gly Glu Arg Ile Val Leu |     |     |      |
| 225   | 230 | 235 | 240  |
| ggt cgc ccc gaa gag gta gct tta att ggc tta cat cac caa ggt aat |     |     | 768  |
| Gly Arg Pro Glu Glu Val Ala Leu Ile Gly Leu His His Gln Gly Asn |     |     |      |
| 245   | 250 | 255 |      |
| ttt tac gaa ttt ggc ccg ggc cat ggc aca gtc act tgg caa gta gct |     |     | 816  |
| Phe Tyr Glu Phe Gly Pro Gly His Gly Thr Val Thr Trp Gln Val Ala |     |     |      |
| 260   | 265 | 270 |      |
| ccc tgg ggc cgt tgg caa tta aaa gcc agc aat gat agg tat tgg gtc |     |     | 864  |
| Pro Trp Gly Arg Trp Gln Leu Lys Ala Ser Asn Asp Arg Tyr Trp Val |     |     |      |
| 275   | 280 | 285 |      |
| aag ttg tcc gga aaa aca gat aaa aaa ggc agt tta gtc cac act ccc |     |     | 912  |
| Lys Leu Ser Gly Lys Thr Asp Lys Lys Gly Ser Leu Val His Thr Pro |     |     |      |
| 290   | 295 | 300 |      |
| acc gcc cag ggc tta caa ctc aac tgc cga gat acc act agg ggc tat |     |     | 960  |
| Thr Ala Gln Gly Leu Gln Leu Asn Cys Arg Asp Thr Thr Arg Gly Tyr |     |     |      |
| 305   | 310 | 315 | 320  |
| ttg tat ttg caa ttg gga tct gtg ggt cac ggc ctg ata gtg caa ggg |     |     | 1008 |
| Leu Tyr Leu Gln Leu Gly Ser Val Gly His Gly Leu Ile Val Gln Gly |     |     |      |
| 325   | 330 | 335 |      |
| gaa acg gac acc gcg ggg cta gaa gtt gga ggt gat tgg ggt tta aca |     |     | 1056 |
| Glu Thr Asp Thr Ala Gly Leu Glu Val Gly Gly Asp Trp Gly Leu Thr |     |     |      |
| 340   | 345 | 350 |      |
| gag gaa aat ttg agc aaa aaa aca gtg cca ttc tga gggaataa        |     |     | 1100 |
| Glu Glu Asn Leu Ser Lys Lys Thr Val Pro Phe                     |     |     |      |
| 355   | 360 |     |      |

&lt;210&gt; 22

&lt;211&gt; 363

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Synechocystis PCC6803

&lt;400&gt; 22

Met Lys Phe Pro Pro His Ser Gly Tyr His Trp Gln Gly Gln Ser Pro  
 1 5 10 15

Phe Phe Glu Gly Trp Tyr Val Arg Leu Leu Leu Pro Gln Ser Gly Glu  
 20 25 30

Ser Phe Ala Phe Met Tyr Ser Ile Glu Asn Pro Ala Ser Asp His His  
 35 40 45

Tyr Gly Gly Gly Ala Val Gln Ile Leu Gly Pro Ala Thr Lys Lys Gln  
 50 55 60

Glu Asn Gln Glu Asp Gln Leu Val Trp Arg Thr Phe Pro Ser Val Lys  
 65 70 75 80

Lys Phe Trp Ala Ser Pro Arg Gln Phe Ala Leu Gly His Trp Gly Lys  
 85 90 95

Cys Arg Asp Asn Arg Gln Ala Lys Pro Leu Leu Ser Glu Glu Phe Phe  
 100 105 110

Ala Thr Val Lys Glu Gly Tyr Gln Ile His Gln Asn Gln His Gln Gly  
 115 120 125

Gln Ile Ile His Gly Asp Arg His Cys Arg Trp Gln Phe Thr Val Glu  
 130 135 140

Pro Glu Val Thr Trp Gly Ser Pro Asn Arg Phe Pro Arg Ala Thr Ala  
 145 150 155 160

Gly Trp Leu Ser Phe Leu Pro Leu Phe Asp Pro Gly Trp Gln Ile Leu  
 165 170 175

Leu Ala Gln Gly Arg Ala His Gly Trp Leu Lys Trp Gln Arg Glu Gln  
 180 185 190

Tyr Glu Phe Asp His Ala Leu Val Tyr Ala Glu Lys Asn Trp Gly His  
 195 200 205

Ser Phe Pro Ser Arg Trp Phe Trp Leu Gln Ala Asn Tyr Phe Pro Asp  
 210 215 220

His Pro Gly Leu Ser Val Thr Ala Ala Gly Gly Glu Arg Ile Val Leu  
 225 230 235 240

Gly Arg Pro Glu Glu Val Ala Leu Ile Gly Leu His His Gln Gly Asn  
 245 250 255

Phe Tyr Glu Phe Gly Pro Gly His Gly Thr Val Thr Trp Gln Val Ala  
 260 265 270  
 Pro Trp Gly Arg Trp Gln Leu Lys Ala Ser Asn Asp Arg Tyr Trp Val  
 275 280 285  
 Lys Leu Ser Gly Lys Thr Asp Lys Lys Gly Ser Leu Val His Thr Pro  
 290 295 300  
 Thr Ala Gln Gly Leu Gln Leu Asn Cys Arg Asp Thr Thr Arg Gly Tyr  
 305 310 315 320  
 Leu Tyr Leu Gln Leu Gly Ser Val Gly His Gly Leu Ile Val Gln Gly  
 325 330 335  
 Glu Thr Asp Thr Ala Gly Leu Glu Val Gly Gly Asp Trp Gly Leu Thr  
 340 345 350  
 Glu Glu Asn Leu Ser Lys Lys Thr Val Pro Phe  
 355 360

&lt;210&gt; 23

&lt;211&gt; 1047

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1047)

&lt;400&gt; 23

atg aaa gca act cta gca gca ccc tct tct ctc aca agc ctc cct tat 48  
 Met Lys Ala Thr Leu Ala Ala Pro Ser Ser Leu Thr Ser Leu Pro Tyr  
 1 5 10 15  
 cga acc aac tct tct ttc ggc tca aag tca tcg ctt ctc ttt cgg tct 96  
 Arg Thr Asn Ser Ser Phe Gly Ser Lys Ser Ser Leu Leu Phe Arg Ser  
 20 25 30  
 cca tcc tcc tcc tcc tca gtc tct atg acg aca acg cgt gga aac gtg 144  
 Pro Ser Ser Ser Ser Ser Val Ser Met Thr Thr Thr Arg Gly Asn Val  
 35 40 45  
 gct gtg gcg gct gct gct aca tcc act gag gcg cta aga aaa gga ata 192  
 Ala Val Ala Ala Ala Ala Thr Ser Thr Glu Ala Leu Arg Lys Gly Ile  
 50 55 60  
 gcg gag ttc tac aat gaa act tcg ggt ttg tgg gaa gag att tgg gga 240

|   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ala   | Glu | Phe | Tyr | Asn | Glu | Thr | Ser | Gly | Leu | Trp | Glu | Glu | Ile | Trp | Gly |     |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| gat cat atg cat cat ggc ttt tgt gac cct gat tct tct gtt caa ctt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 288 |
| Asp   | His | Met | His | His | Gly | Phe | Cys | Asp | Pro | Asp | Ser | Ser | Val | Gln | Leu |     |
|   |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
| tct gat tct ggt cac aag gaa gct cag atc cgt atg att gaa gag tct |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 336 |
| Ser   | Asp | Ser | Gly | His | Lys | Glu | Ala | Gln | Ile | Arg | Met | Ile | Glu | Glu | Ser |     |
|   |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| ctc cgt ttt gcc ggt gtt act gat gaa gag gag gag aaa aag ata aag |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 384 |
| Leu   | Arg | Phe | Ala | Gly | Val | Thr | Asp | Glu | Glu | Glu | Glu | Lys | Lys | Ile | Lys |     |
|   |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |
| aaa gta gtg gat gtt ggg tgt ggg att gga gga agc tca aga tat ctt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 432 |
| Lys   | Val | Val | Asp | Val | Gly | Cys | Gly | Ile | Gly | Gly | Ser | Ser | Arg | Tyr | Leu |     |
|   |     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |
| gcc tct aaa ttt gga gct gaa tgc att ggc att act ctc agc cct gtt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 480 |
| Ala   | Ser | Lys | Phe | Gly | Ala | Glu | Cys | Ile | Gly | Ile | Thr | Leu | Ser | Pro | Val |     |
| 145   |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
| cag gcc aag aga gcc aat gat ctc gcg gct gct caa tca ctc gct cat |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 528 |
| Gln   | Ala | Lys | Arg | Ala | Asn | Asp | Leu | Ala | Ala | Ala | Gln | Ser | Leu | Ala | His |     |
|   |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |
| aag gct tcc ttc caa gtt gcg gat gcg ttg gat cag cca ttc gaa gat |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 576 |
| Lys   | Ala | Ser | Phe | Gln | Val | Ala | Asp | Ala | Leu | Asp | Gln | Pro | Phe | Glu | Asp |     |
|   |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| gga aaa ttc gat ata gtg tgg tgc atg gag agt ggt gag cat atg cct |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 624 |
| Gly   | Lys | Phe | Asp | Ile | Val | Trp | Ser | Met | Glu | Ser | Gly | Glu | His | Met | Pro |     |
|   |     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
| gac aag gcc aag ttt gta aaa gag ttg gta cgt gtg gcg gct cca gga |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 672 |
| Asp   | Lys | Ala | Lys | Phe | Val | Lys | Glu | Leu | Val | Arg | Val | Ala | Ala | Pro | Gly |     |
|   |     |     | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
| ggt agg ata ata ata gtg aca tgg tgc cat aga aat cta tct gcg ggg |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 720 |
| Gly   | Arg | Ile | Ile | Ile | Val | Thr | Trp | Cys | His | Arg | Asn | Leu | Ser | Ala | Gly |     |
| 225   |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |     |     |
| gag gaa gct ttg cag ccg tgg gag caa aac atc ttg gac aaa atc cgt |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 768 |
| Glu   | Glu | Ala | Leu | Gln | Pro | Trp | Glu | Gln | Asn | Ile | Leu | Asp | Lys | Ile | Arg |     |
|   |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |     |
| aag acg ttc tat ctc ccg gct tgg tgc tcc acc gat gat tat gtc aac |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 816 |
| Lys   | Thr | Phe | Tyr | Leu | Pro | Ala | Trp | Cys | Ser | Thr | Asp | Asp | Tyr | Val | Asn |     |
|   |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |

ttg ctt caa tcc cat tct ctc cag gat att aag tgt gcg gat tgg tca 864  
 Leu Leu Gln Ser His Ser Leu Gln Asp Ile Lys Cys Ala Asp Trp Ser  
 275 280 285

gag aac gta gct cct ttc tgg cct gcg gtt ata cgg act gca tta aca 912  
 Glu Asn Val Ala Pro Phe Trp Pro Ala Val Ile Arg Thr Ala Leu Thr  
 290 295 300

tgg aag ggc ctt gtg tct ctg ctt cgt agt ggt atg aaa agt att aaa 960  
 Trp Lys Gly Leu Val Ser Leu Leu Arg Ser Gly Met Lys Ser Ile Lys  
 305 310 315 320

gga gca ttg aca atg cca ttg atg att gaa ggt tac aag aaa ggt gtc 1008  
 Gly Ala Leu Thr Met Pro Leu Met Ile Glu Gly Tyr Lys Lys Gly Val  
 325 330 335

att aag ttt ggt atc atc act tgc cag aag cca ctc taa 1047  
 Ile Lys Phe Gly Ile Ile Thr Cys Gln Lys Pro Leu  
 340 345

&lt;210&gt; 24

&lt;211&gt; 348

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Arabidopsis thaliana

&lt;400&gt; 24

Met Lys Ala Thr Leu Ala Ala Pro Ser Ser Leu Thr Ser Leu Pro Tyr  
 1 5 10 15

Arg Thr Asn Ser Ser Phe Gly Ser Lys Ser Ser Leu Leu Phe Arg Ser  
 20 25 30

Pro Ser Ser Ser Ser Ser Val Ser Met Thr Thr Thr Arg Gly Asn Val  
 35 40 45

Ala Val Ala Ala Ala Ala Thr Ser Thr Glu Ala Leu Arg Lys Gly Ile  
 50 55 60

Ala Glu Phe Tyr Asn Glu Thr Ser Gly Leu Trp Glu Glu Ile Trp Gly  
 65 70 75 80

Asp His Met His His Gly Phe Cys Asp Pro Asp Ser Ser Val Gln Leu  
 85 90 95

Ser Asp Ser Gly His Lys Glu Ala Gln Ile Arg Met Ile Glu Glu Ser  
 100 105 110

Leu Arg Phe Ala Gly Val Thr Asp Glu Glu Glu Glu Lys Lys Ile Lys

| 115  | 120 | 125     |
|--|-----|---------|
| Lys Val Val Asp Val Gly Cys Gly Ile Gly Gly Ser Ser Arg Tyr Leu<br>130 | 135 | 140     |
| Ala Ser Lys Phe Gly Ala Glu Cys Ile Gly Ile Thr Leu Ser Pro Val<br>145 | 150 | 155 160 |
| Gln Ala Lys Arg Ala Asn Asp Leu Ala Ala Ala Gln Ser Leu Ala His<br>165 | 170 | 175     |
| Lys Ala Ser Phe Gln Val Ala Asp Ala Leu Asp Gln Pro Phe Glu Asp<br>180 | 185 | 190     |
| Gly Lys Phe Asp Ile Val Trp Ser Met Glu Ser Gly Glu His Met Pro<br>195 | 200 | 205     |
| Asp Lys Ala Lys Phe Val Lys Glu Leu Val Arg Val Ala Ala Pro Gly<br>210 | 215 | 220     |
| Gly Arg Ile Ile Ile Val Thr Trp Cys His Arg Asn Leu Ser Ala Gly<br>225 | 230 | 235 240 |
| Glu Glu Ala Leu Gln Pro Trp Glu Gln Asn Ile Leu Asp Lys Ile Arg<br>245 | 250 | 255     |
| Lys Thr Phe Tyr Leu Pro Ala Trp Cys Ser Thr Asp Asp Tyr Val Asn<br>260 | 265 | 270     |
| Leu Leu Gln Ser His Ser Leu Gln Asp Ile Lys Cys Ala Asp Trp Ser<br>275 | 280 | 285     |
| Glu Asn Val Ala Pro Phe Trp Pro Ala Val Ile Arg Thr Ala Leu Thr<br>290 | 295 | 300     |
| Trp Lys Gly Leu Val Ser Leu Leu Arg Ser Gly Met Lys Ser Ile Lys<br>305 | 310 | 315 320 |
| Gly Ala Leu Thr Met Pro Leu Met Ile Glu Gly Tyr Lys Lys Gly Val<br>325 | 330 | 335     |
| Ile Lys Phe Gly Ile Ile Thr Cys Gln Lys Pro Leu<br>340                 | 345 |         |

&lt;210&gt; 25

&lt;211&gt; 580

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Brassica napus

<220>

<221> misc\_structure

<222> (1)..(580)

<400> 25

gtcgacgagc tcattggggcg aagggtcttg ctgcaccaag agattttctt gcaccaacgg 60  
catgggtttga ggaagggcta cggcctgact acactattgt tcagaagttt ggcggtgaac 120  
tctttactgc taaacaagat ttctctccgt tcaatgtggt tgcctggcat ggcaattacg 180  
tgccttataa gtatgacctg cacaagttct gtccatacaa cactgtcctt gtagaccatg 240  
gagatccatc tgtaaataca gttctgacag caccaacgga taaacctggt gtggccttgc 300  
ttgattttgt catattccct cctcgttggt tggttgctga gcatacctt cgacctcctt 360  
actaccatcg taactgcatg agtgaattta tgggcctaata ctatggtgct tacgaggcca 420  
aagctgatgg atttctacct ggtggcgcaa gtcttcacag ttgtatgaca cctcatggtc 480  
cagatacaac cacatacgag ggcacgattg ctctgtgtaaa tgcaatggct ccttataagc 540  
tcacaggcac catggccttc atgtttgagg taccagtact 580

<210> 26

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz:Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(30)

<400> 26

gatatcatgg actcctacgt gattcagacg

30

<210> 27

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1) .. (29)

<400> 27

gatatcttat ttgtcacact cctcctggc

29

<210> 28

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Kntliche Sequenz:Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1) .. (24)

<400> 28

gtcgacatgg caacccttaa gtgc

24

<210> 29

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Kntliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1) .. (25)

<400> 29

gtcgacttac ttaacaccat tgacg

25

<210> 30

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Kntliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(24)

<400> 30

gtcgacatgg cgagcaacgg agtt

24

<210> 31

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(25)

<400> 31

gtcgactcag ttgacagaga cgacg

25

<210> 32

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(30)

<400> 32

ggatccgac catgagcgaa gaacaaccac

30

<210> 33

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(27)

<400> 33  
ggatccttac atttcgagat tattatc

27

<210> 34  
<211> 27  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(27)

<400> 34  
agatctatgg agaatggagc aacgacg

27

<210> 35  
<211> 31  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(31)

<400> 35  
agatctatat ggttggatat tgagtcttgg c

31

<210> 36  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(26)

<400> 36  
gcccgggcat ggcttccatt gctctc

26

<210> 37  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(26)

<400> 37  
gcccgggcgc tcaaattatg aagtta

26

<210> 38  
<211> 24  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(24)

<400> 38  
ggatccatgg gccaccaaaa cgcc

24

<210> 39  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(26)

<400> 39  
gtcgactcat cccactaact gtttgg

26

<210> 40  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(26)

<400> 40  
ggatccatgg agtctctgct ctctag

26

<210> 41  
<211> 32  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(32)

<400> 41  
ccatggatcc tcacttcaaa aaaggtaaca gc

32

<210> 42  
<211> 31  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(31)

<400> 42  
gatatcacca tggccgctgg actgtatctc c

31

<210> 43  
<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Kntliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(30)

<400> 43

gtcgacctta agaatttaag cttgagtggc

30

<210> 44

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Kntliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(27)

<400> 44

gatatcatgg aaatttccgc cccacag

27

<210> 45

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Kntliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(28)

<400> 45

gatatccagt gttattccct cagaatgg

28

<210> 46

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(26)

<400> 46

ggatccatga aagcaactct agcagc

26

<210> 47

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(26)

<400> 47

gtcgacttag agtggcttct ggcaag

26

<210> 48

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(24)

<400> 48

gtcgacgagc tcatgggggc gaag

24

<210> 49

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(21)

<400> 49

agtactggta cctcaaacaat g

21

<210> 50

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(23)

<400> 50

tctagactag aatccaactt ctg

23

<210> 51

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(24)

<400> 51

tctagagctc gatcgagcgg ccgc

24

<210> 52

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(26)

<400> 52

gcccggggcca aatttacaat tgccac

26

<210> 53

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(23)

<400> 53

gcccgggcta attcccgatc tag

23

<210> 54

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(26)

<400> 54

gcccgggcat ctgtcgtctc aaactc

26

<210> 55

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(28)

<400> 55

gcccgggctg ttgtcgcaaa attcgccc

28

<210> 56

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(26)

<400> 56

gcccgggcat ctgtcgtctc aaactc

26

<210> 57

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(23)

<400> 57

gcccgggcta attcccgatc tag

23

<210> 58

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Die Beschreibung von Knstliche Sequenz: Primer

<220>

<221> primer\_bind

<222> (1)..(25)

<400> 58

gcccgggcct agaatccaac ttctg

25